

논문 2007-44SC-2-6

변형된 유전자 알고리즘을 이용한 Multiple Array 안테나의 빔 제어방식

(Beam Control Method of Multiple Array Antenna Using The Modified Genetic Algorithm)

현 교 환*, 정 경 권**, 엄 기 환**

(Kyo-Hwan Hyun, Kyung Kwon Jung, and Ki Hwan Eom)

요 약

본 논문에서는 multiple array 안테나 링크 상에서 각 스테이션 간의 안테나 빔의 스위트 스폿을 변형된 유전자 알고리즘을 이용하여 찾고 유지하는 방법을 제안하였다. 제안한 방식은 각 스테이션에서 전송하는 데이터에 안테나의 정보를 같이 전송하며 빔의 강도를 거리함수로 나타내고 그 거리함수의 곱을 적합도 함수로 이용하여 최대값이 되는 각도를 찾는 방식이다. 변형된 유전자 알고리즘 방식은 전처리 과정을 통하여 우수한 초기세대를 선택하는 방식으로 일반적인 유전자 알고리즘방식에서 랜덤하게 초기세대를 갖는 것과는 차별화가 된다. 통식 방식은 시분할 이중화 (TDD: Time Division Duplex) 방식으로 하여 전송하는 데이터에 안테나 정보를 같이 보낸다. 제안한 방식의 유용성을 확인하기 위하여 1:1, 1:2, 1:5 array 안테나의 세 가지 경우에 대하여 시뮬레이션 하였다. 염색체의 길이는 8bit, 16bit, 16bit split인 경우에 대하여 개체 수와 세대 수를 변화시켜 수렴 확률을 비교 검토하였다. 제안한 16bit split는 실제로는 8bit이지만 16bit와 유사한 좋은 수렴율을 보여주었다.

Abstract

This paper presents a novel scheme that quickly searches for the sweet spot of multiple array antennas, and locks on to it for high-speed millimeter wavelength transmissions, when communications to another antenna array are disconnected. The proposed method utilizes a modified genetic algorithm, which selects a superior initial group through preprocessing in order to solve the local solution in agenetic algorithm. TDD (Time Division Duplex) is utilized as the transfer method and data controller for the antenna. Once the initial communication is completed for the specific number of individuals, no longer antenna's data will be transmitted until each station processes GA in order to produce the next generation. After reproduction, individuals of the next generation become the data, and communication between each station is made again. Simulation results of 1:1, 1:2, 1:5 array antennas confirmed the efficiency of the proposed method. The 16bit split is 8bit, but it has similar performance as 16bit gene.

Keywords : Sweet Spot, Genetic Algorithm, Multiple Array Antenna, Time Division Duplex, 16bit split.

I. 서 론

수 년 전부터 정보통신, 메모리, 프로세서 등의 기술

이 급속도로 발전하면서 무선통신 시스템에도 다양한 콘텐츠들이 생겨나고 점점 대용량에 고속의 통신 속도를 요구하고 있다. 밀리미터파 대역을 이용하면 이러한 요구를 만족할 수 있을 뿐 아니라 한정된 주파수 대역에 대한 수요 급증 문제도 해결할 수 있을 것이다^[1]. 그러나 밀리미터파는 대기의 산소와 결합하는 특성이 있어 SNR의 감소에 민감하고 안테나 빔의 높은 방향성을 요구한다. 안테나 빔 네트워크에서 SNR 감소나 연결의 끊김을 방지하기 위하여 빔의 최적 방향(sweet spot)을

* 학생회원, ** 정회원, 동국대학교 전자공학과
(Department of Electronic Engineering,
Dongguk University)

※ 본 연구는 과학기술부/한국과학재단 우수연구센터
육성 사업의 지원으로 수행되었음
(R11-1999-058-01006-0)

접수일자: 2006년10월31일, 수정완료일: 2007년2월20일

찾고 유지하는 것은 매우 중요하다. 또한 통신 상호간에 최적화된 스위트 스팟을 탐색할 수 있다면 안정적인 연결을 유지할 수 있어서 더 많은 데이터를 전송할 수 있다^[2].

Array 안테나는 배열된 안테나의 위상을 제어하여 원하는 방향으로 특정 신호를 송수신할 수 있어 송수신간에 독립된 빔을 제공하며, 각 가입자에게 맞는 최적의 가중치를 독립적으로 계산하여 최적의 빔을 제공할 수 있어 밀리미터파 대역에서 유용하다^[3,5]. 또 Multiple array 안테나 링크는 1:1 통신 뿐 아니라 1:n의 통신도 가능하여 하나의 메인-시스템이 여러 개의 서브-시스템을 제어하거나 정보를 주고받을 수 있다. 이 방식은 처음 시스템을 동작 시킬 때 각각의 서브-안테나와 동일한 시간 간격을 두고 차례로 통신하며 각각의 스위트 스팟을 찾고 그 방향을 메모리에 기억하고 통신을 할 때 메모리에서 그 방향을 읽어오는 방식이다. 이동 통신이나 무선 홈 네트워크, 이동 중인 차량 사이의 통신 등 여러 분야에 응용될 수 있다. 그리고 n:n의 통신 프로토콜이 정해진다면 n:n array 안테나 링크로의 응용도 쉽게 할 수 있을 것이다.

유전자 알고리즘(GA: Genetic Algorithm)은 최적화 문제에서 기존의 다른 알고리즘에 비하여 전역적이고 견실한 방법으로 다른 알고리즘과 비교해서 스위트 스팟 탐색에 적합하다. 그러나 GA는 종종 지역 해(local solution)에 수렴하는 경우가 있으며, 이것은 돌연변이 연산을 통해 해결이 될 수도 있지만 돌연변이가 발생할 때까지 세대가 계속 진화해야하는 단점을 가지고 있다^[4,6,7]. 이렇게 지역해에 수렴하는 문제는 주로 초기세대에 많은 영향을 받으며 이를 해결하기 위한 연구가 많이 진행되고 있다.

본 논문에서는 multiple array 안테나 링크 상에서 각 스테이션 간의 안테나 빔의 스위트 스팟을 변형된 유전자 알고리즘(MGA: Modified Genetic Algorithm)을 이용하여 찾는 방법을 제안 한다. 제안한 방식은 각 스테이션에 전송하는 데이터에 안테나의 정보를 같이 전송하며 빔의 강도를 거리함수로 나타내고 그 거리함수의 곱을 적합도 함수로 이용하여 그 값이 최대가 되는 각도를 찾는 방식이다. MGA는 일반적인 GA방식에서 지역해에 빠지거나, 오래 수렴하는 단점을 보완하기 위해 전처리 과정으로 우수한 초기집단을 선택하여 처리하는 방법이다. MGA방식은 전처리 과정을 통하여 우수한 초기세대를 선택하는 방식으로 일반적인 GA방식에서 랜덤하게 초기세대를 갖는 것과는 차별화가 된

다. 또한 검색체 구성에 있어서 16bit split 방식을 제안하여 탐색에 적용한다.

제안한 방식의 유용성을 확인하기 위하여 1:1, 1:2, 1:5 array 안테나의 세 가지 경우에 대한 스위트 스팟 탐색을 시뮬레이션 한다. 검색체의 길이는 8bit, 16bit, 16bit split인 경우에 대하여 개체 수와 세대 수를 변화시켜 수렴 확률을 비교 검토한다.

II. Mutiple Array 안테나의 스위트 스팟

빔 네트워크에서 SNR감소나 연결의 끊김을 방지하기 위해 빔의 최적의 방향을 찾고 유지하는 것이 필요하다. 본 논문에서 사용한 multiple array 안테나는 1:1, 1:2, 1:5 array 안테나 방식을 사용하였다. 1:5 array 안테나는 하나의 메인 안테나와 5개의 서브-안테나로 이루어져있다. 처음 시스템을 동작 시킬 때 각각의 서브-안테나와 동일한 시간 간격을 두고 차례로 통신하며 각각의 스위트 스팟을 찾고 그 방향을 메모리에 기억하고 통신을 할 때 메모리에서 그 방향을 읽어오는 방식이다. 그림 1은 1:1 array 안테나와 1:n array 안테나에 대한 relay line이다.

그림 2는 이상적으로 스위트 스팟 탐색을 했을 때의 안테나 빔 상태이고, 그림 3은 양쪽 빔이 모두 잘못된 방향으로 틀어진 상태로 스위트 스팟 탐색에 실패한 경우이다.

여기서 E_1 과 E_2 는 각 빔 station의 강도(intensity)를 나타내고 식 (1)과 같이 주어진다^[3,5].

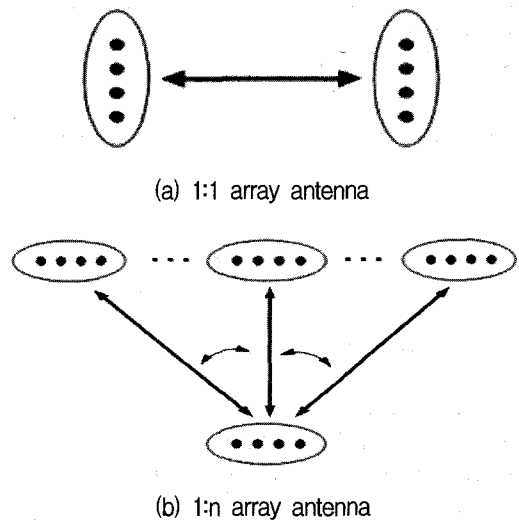


그림 1. array 안테나에 대한 relay line
Fig. 1. Relay line by array antenna.

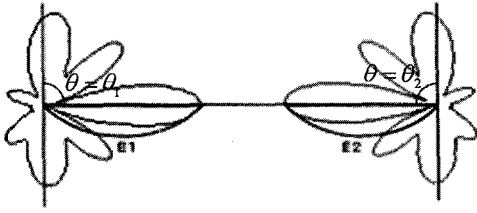


그림 2. 이상적인 안테나 빔 상태
Fig. 2. The ideal situation.

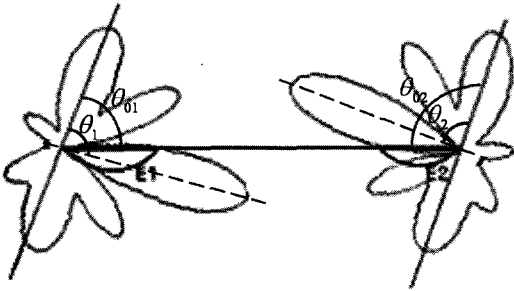


그림 3. 스위트 스팟 탐색에 실패한 경우
Fig. 3. Failed to sweet spot search.

$$E_1 = \sum_{n=1}^{N/2} w_n \cos \left((2n-1) \frac{\pi d}{\lambda} (\sin \theta_{01} - \sin \theta_1) \right)$$

$$E_2 = \sum_{n=1}^{N/2} w_n \cos \left((2n-1) \frac{\pi d}{\lambda} (\sin \theta_{02} - \sin \theta_2) \right) \quad (1)$$

여기서 w_n 은 array weight, d 와 λ 는 각각 안테나의 거리(distance)와 파장(wavelength), N 은 array 수(number)이고, θ_{01} 과 θ_{02} 는 각 안테나의 빔 스테이션의 강도가 가장 강한 각을 나타내고 θ_1 과 θ_2 는 현재 통신 중인 안테나와의 각이다. 즉 θ_{0x} 와 θ_x 가 같을 때 가 이상적인 안테나 빔 상태이다.

III. 제안한 방식

스위트 스팟 탐색은 각 station의 안테나 빔의 방향에 대한 정보를 이용하여 최적 방향을 찾는다. 스팟 탐색은 각 station의 안테나 빔의 방향에 대한 정보가 각 세대의 염색체(chromosome)가 되어 식 (1)의 E_1 과 E_2 의 곱을 적합도 함수 z 로 사용하여 GA를 수행하면 스위트 스팟을 탐색할 수 있다. 적합도 함수 z 는 식 (2)와 같고 적합도 함수 z 가 최대가 되는 값이 목표 값으로 그림 4에서 peak 값을 찾는 것이다.

$$z = E_1 * E_2 \quad (2)$$

GA에서 지역 해에 오랜 기간 수렴하는 문제는 주로

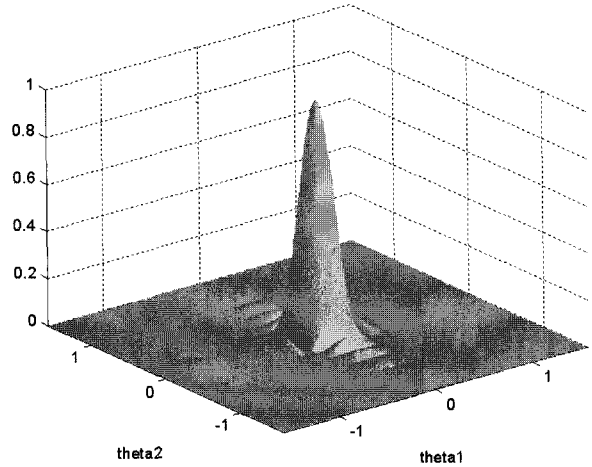


그림 4. 적합도 함수 z
Fig. 4. Objective function z.

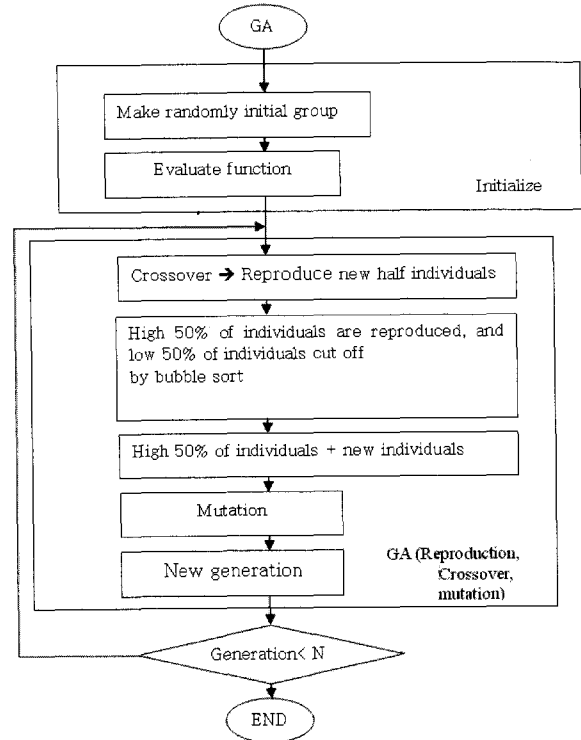


그림 5. MGA의 흐름도
Fig. 5. Flow chart of MGA.

초기세대에 많은 영향을 받는다. 지역 해 문제를 개선하기 위하여 MGA를 사용한다. MGA는 전처리 과정으로 N개의 slave group을 만들어 그 중 가장 우수한 group을 선택하고 나머지 group은 도태시킨다. 선택된 group은 GA의 초기세대가 되어 GA연산을 수행하게 된다. 그림 5는 MGA의 흐름도이다.

본 논문에서 사용한 GA 방식은 selection, mutation, crossover 등의 단계를 거쳐서 가장 적합한 염색체를 생성, 선정하는 방식으로 각 단계에서는 다음과 같은

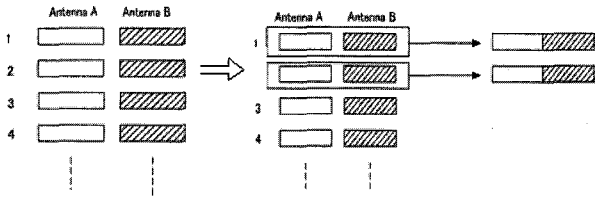


그림 6. 16bit split의 연산

Fig. 6. Operation of 16bit split.

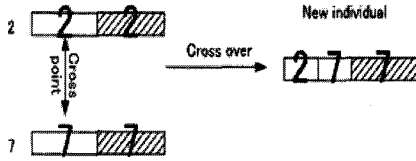


그림 7. 16bit split의 crossover 예

Fig. 7. The example of crossover.

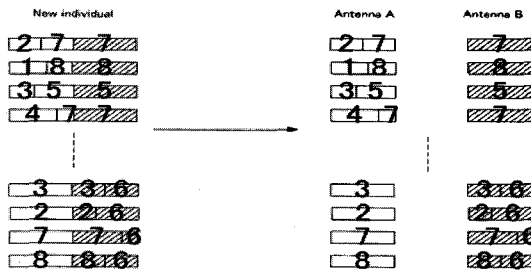


그림 8. crossover 후의 새로운 개체

Fig. 8. New individual after crossover.

방식들을 사용한다. selection 단계에서는 rank-based selection, crossover는 one-point crossover, mutation은 확률 P_m 에 따라 염색체에서 1bit를 바꾸는 방식이다^{6~7}. 또 quick sort 방법을 사용하여 전체 개체의 상위 5할은 재생산하고 나머지 하위 5할은 도태시킨다. 살아 남은 상위 개체끼리 교배를 하여 새로운 개체를 만들고 이 개체와 상위 개체가 다시 새로운 세대를 이룬다.

염색체의 길이는 8bit, 16bit, 16bit split gene를 사용한다. 제안하는 16bit split은 다음과 같이 연산된다.

그림 6에서 나타난 것처럼 각 안테나에서 각각 8bit gene의 염색체를 생성한다. 각 안테나에서 생성한 염색체를 다른 안테나에 전송하여 하나로 합친다. 즉 8bit(A)+8bit(B)=16bit가 되는 것이다. 그다음 각각의 안테나에서 GA연산을 수행한다.

16bit split gene에서 crossover는 그림 7과 같이 연산된다. crossover할 염색체와 crossover point는 random하게 선택되는데 그림 7의 예에서는 crossover할 염색체는 2번 염색체와 7번 염색체이고 crossover point는 안테나 A side가 선택되었다. 그림 8은

crossover가 된 후의 개체들을 나타낸다.

통신 방식은 시분할 이중화(TDD: Time Division Duplex)를 이용하여 전송하는 데이터에 안테나의 정보를 같이 보낸다. 밀리미터파 대역은 많은 데이터를 송수신 가능하므로 안테나 정보가 통신성능에 미치는 영향은 거의 전무하다고 할 수 있다.

IV. Simulation

시뮬레이션은 8bit, 16bit, 16bit split의 염색체로 각각 수행하였고 시뮬레이션 파라미터는 표 1과 같으며, $d=0.001$, $\lambda=0.004$ 이고 array number는 30개이다. 시뮬레이션은 MATLAB 7으로 수행하였다.

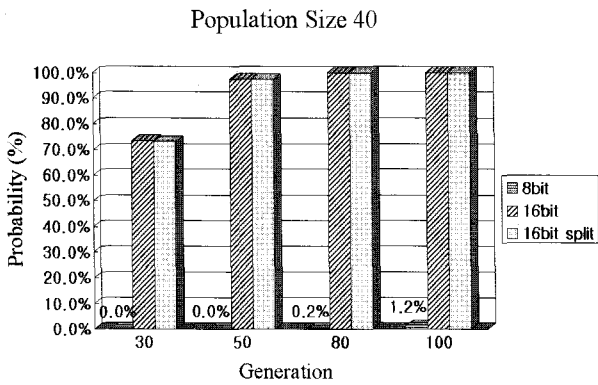
그림 9는 개체군 크기를 고정했을 때의 각각의 bit에 대한 1:1, 1:2, 1:5 array 안테나의 수렴율이다. 각각 500번씩 수행하였으며 오차가 0.01도 이내를 수렴 기준으로 하였다.

그림 9에서 나타내듯이 서브-안테나의 수가 늘어날수록 수렴율이 떨어진다. 1:1 array 안테나의 경우 개체군 크기가 40일 때 30세대에서 70%이상의 수렴율을, 50세대 이상에서는 100%에 가까운 수렴율을 보인다. 1:2 array 안테나는 30세대에서 40%정도의 수렴율로 1:1 array 안테나에 비해 크게 떨어지나, 50세대에서는 90%에 가까운 수렴율을, 80세대 이상에서는 100%에 가까운 수렴율로 세대수가 진행수록 1:1 array 안테나와 비슷한 수렴율을 보인다. 1:5 array 안테나의 경우는 개체군 크기가 40일 때는 80세대 정도 진행되어야 겨우 80%를 조금 넘는 수렴율로 비교적 낮은 수렴율을 보여 60을 기준 개체군 크기로 하였다. 60이상 일 때는 50세대에서 약 70%, 80세대에서 100%에 가까운 수렴율로 비교적 좋은 수렴율을 보인다.

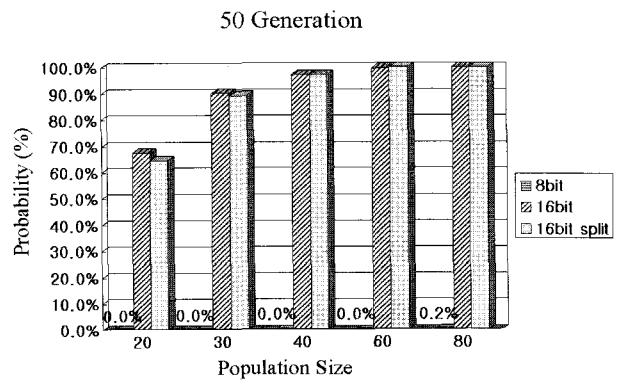
염색체의 길이가 16bit와 16bit split gene일 때는 전체적으로 좋은 수렴율을 보인다. 하지만 8bit gene일 때는 수렴 기준인 오차 0.01도 단위의 정밀 계산을 하기에는 염색체 길이가 짧아 거의 0%에 가까운 수렴율을

표 1. 시뮬레이션에 사용된 파라미터
Table 1. Used parameters by simulation.

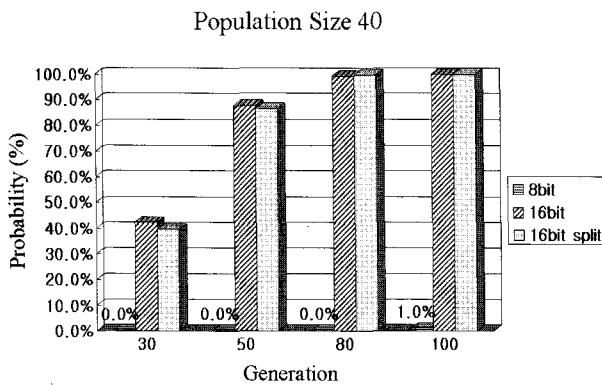
Parameters	Value
Generation	30, 50, 80, 100, 120
Population Size	20, 40, 60, 80, 100
Crossover Rate	0.9
Mutation Rate	0.004



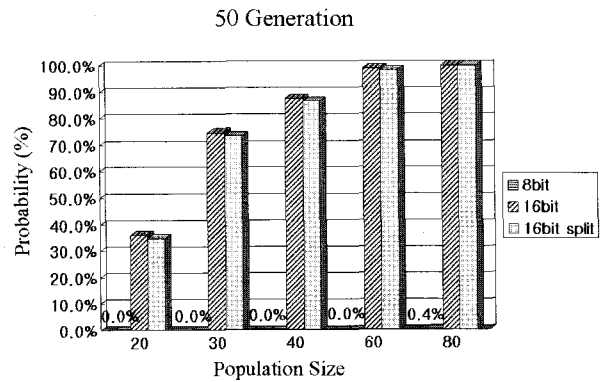
(a) 1:1 array antenna



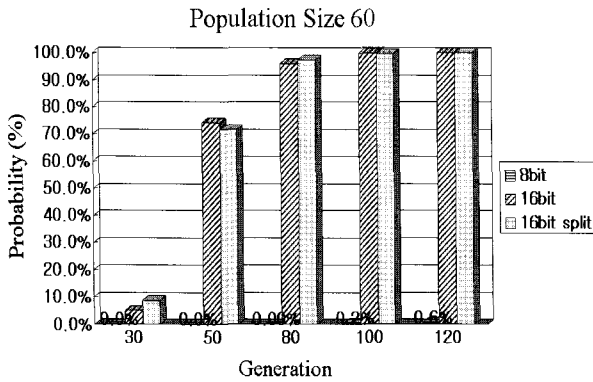
(a) 1:1 array antenna



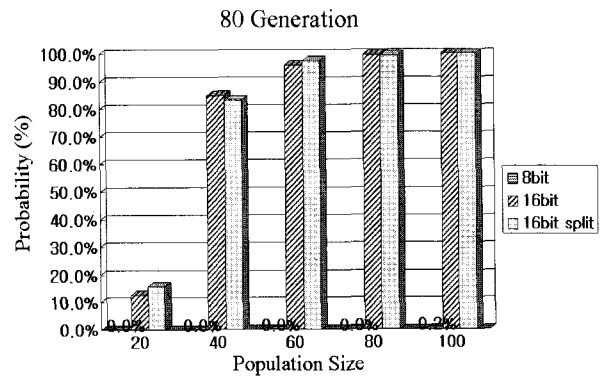
(b) 1:2 array antenna



(b) 1:2 array antenna



(c) 1:5 array antenna



(c) 1:5 array antenna

그림 9. 개체군 크기를 고정했을 때의 수렴율

Fig. 9. Convergence probability when population size is fixed.

가진다. 16bit split gene는 실제로는 8bit만을 생성하지만 16bit gene와 비슷한 수렴율을 가진다.

그림 10은 세대수를 고정했을 때의 각각의 bit에 대한 1:1, 1:2, 1:5 array 안테나의 수렴율이다. 1:1 array 안테나의 경우 세대수가 50일 때 개체군 크기가 20에서 70%에 가까운 수렴율을, 40이상에서는 100%에 가까운 수렴율을 보인다. 1:2 array 안테나는 20에서 35% 정도의 수렴율로 개체군 크기를 고정했을 때와 마찬가지로

그림 10. 세대수를 고정했을 때의 수렴율

Fig. 10. Convergence probability when generation is fixed.

1:1 array 안테나에 비해 크게 떨어지나, 30에서 75%, 40에서 85% 60 이상에서 100%에 가까운 수렴율로 개체군수가 커질수록 1:1 array 안테나와 비슷한 수렴율을 보인다. 1:5 array 안테나의 경우도 개체군 크기를 고정했을 때와 마찬가지로 세대수가 50일 때는 비교적 낮은 수렴율을 보여 80세대를 기준으로 세대수로 하였다. 80세대에서 개체군크기가 40일 때 약 85%, 60 이상에서 100%에 가까운 수렴율로 비교적 좋은 수렴율을

보인다.

세대수를 고정하였을 때의 염색체의 길이 역시 개체군 수의 크기를 고정하였을 때와 비슷하게 16bit와 16bit split gene일 때는 전체적으로 좋은 수렴율을 보이고 8bit gene일 때는 앞에서 설명한 것과 같은 이유로 인하여 거의 수렴을 하지 못하였다.

V. 결 론

본 논문에서는 MGA를 이용하여 multiple array 안테나의 sweet spot을 찾는 방법을 제안하였다. 제안한 방식은 각 station에서 전송하는 데이터에 안테나의 정보를 같이 전송하며 안테나 빔의 강도를 거리 함수로 나타내고 그 거리함수의 곱을 적합도 함수 z 로 이용하여 MGA연산으로 최대값이 되는 각도를 찾는 방식이다. 제안한 방식의 유용성을 확인하기 위하여 1:1, 1:2, 1:5 array 안테나의 스위트 스폿 탐색에 대한 시뮬레이션 하였으며 염색체의 길이는 8bit, 16bit, 16bit split로 하였다. 시뮬레이션 결과 1:1 array antenna의 경우의 최적 조건은 개체군 크기가 40, 세대수는 50, 1:2 array antenna의 경우는 개체군 크기 40, 세대수 80, 1:5 array antenna의 경우는 개체군 크기 60, 세대수 80으로 나타났다. 서브-안테나가 많을수록 낮은 수렴율을 보여 큰 크기의 개체군과 많은 세대의 진행이 필요하다. 16bit split gene는 실제로는 8bit만을 생성하지만 16bit gene와 비슷한 수렴율을 가지고 전반적으로 좋은 수렴율을 보인다. 8bit gene일 때는 수렴 기준인 오차 0.01도 단위의 정밀 계산을 하기에는 염색체 길이가 짧아 거의 0%에 가까운 수렴율을 가진다.

참 고 문 헌

- [1] V. R. M. Thyagarajan, R. H. M. Hafez, and D. D. Falconer, "Broadband Indoor Wireless Communication in (20~60)GHz band: Signal Strength Considerations," Universal Personal Communication, Vol. 2, pp.894~899, Oct. 1993.
- [2] R. Becher, M. Dillinger, M. Haardt, and W. Mohr, "Broad-band wireless access and future communication networks," Proc. of the IEEE, Vol. 89, pp.58~75, Jan. 2001.
- [3] F. Gross, "Smart Antenna for Wireless Communication," McGraw-Hill, 2005.
- [4] H. Mühlenbein, M. Schomisch, and J. Born, "The Parallel Genetic algorithm as Function Optimizer," Parallel Computing, Vol. 17, pp. 619~632, 1991.
- [5] John D. Kraus and Ronald J. Marhefka, "ANTRNNAS," McGraw-Hill, 2002.
- [6] K. Man, "Genetic algorithms for control and signal processing," Springer, 1997.
- [7] 진강규, "유전자 알고리즘과 그 응용," 교우사, 2002.

저 자 소 개



현 교 환(학생회원)
 2005년 8월 동국대학교
 전자공학과 공학사
 2005년 9월~현재 동국대학교
 전자공학과 석사과정
 <주관심분야 : 인공지능, 시스템
 응용, 홈 네트워크>



정 경 권(정회원)
 1998년 2월 동국대학교
 전자공학과 공학사
 2000년 2월 동국대학교
 전자공학과 공학석사
 2003년 8월 동국대학교
 자공학과 공학박사
 2005년 3월~현재 동국대학교 밀리미터파신기술
 연구센터 연구원
 <주관심분야 : 디지털 신호처리, 인공지능, 시스
 템 응용>



엄 기 환(정회원)
 1972년 동국대학교
 전자공학과 학사 졸업
 1986년 동국대학교
 전자공학과 박사 졸업
 1989년~1990년 Toho Univ. Post
 Doc.

2000년~2001년 Univ. of Canterbury Visiting
 Professor.

1994년~현재 동국대학교 전자공학과 교수
 <주관심 분야 : 시스템 응용, 홈 네트워크>