

양자화 진화알고리즘을 적용한 널 패턴합성 알고리즘의 특성 연구

서종우¹⁾ · 박동철^{*,2)}

¹⁾ 국방과학연구소 제2기술연구본부

²⁾ 충남대학교 전파정보통신공학과

A Study on Characteristics of Null Pattern Synthesis Algorithm Using Quantum-inspired Evolutionary Algorithm

Jongwoo Seo¹⁾ · Dongchul Park^{*,2)}

¹⁾ The 2nd Research and Development Institute, Agency for Defense Development, Korea

²⁾ Department of Radio & Information Communication Engineering, Chungnam National University, Korea

(Received 12 January 2016 / Revised 30 March 2016 / Accepted 17 June 2016)

ABSTRACT

Null pattern synthesis method using the Quantum-inspired Evolutionary Algorithm(QEA) is described in this study. A 12×12 planar array antenna is considered and each element of the array antenna is controlled by 6-bit phase shifter. The maximum number of iteration of 500 is used in simulation and the rotation angle for updating Q-bit individuals is determined to make the individual converge to the best solution and is summarized in a look-up table. In this study we showed that QEA can satisfactorily synthesize the null pattern using smaller number of individuals compared with the conventional Genetic Algorithm.

Key Words : Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm, Planar Array Antenna, Genetic Algorithm, Jamming Antenna

1. 서론

근래 군 통신환경이 복잡해지면서 주변 환경의 예기치 못한 방해신호와 적으로부터 의도적인 재밍신호의 위협이 증가함에 따라 이러한 방해신호들로부터 통신링크를 유지시키기 위한 항재밍 기술에 대한 많

은 연구가 이루어지고 있다^[1]. 항재밍 기술에는 대표적으로 배열안테나의 급전크기 및 위상을 조정하여 주빔의 방향을 유지하는 동시에 방해신호의 방향으로 널(null)을 합성하는 널 패턴합성 기술이 있으며 국내에서도 이와 관련된 연구가 활발히 진행되고 있다. 특히, 2000년대에 들어서 최적화 알고리즘의 하나인 유전알고리즘(Genetic Algorithm, GA)이 수렴속도가 빠르고 구조가 간단하며 실제 구현이 용이한 특징으로 인해 배열안테나 분야에 많이 적용되고 있다^[2]. 반면 유

* Corresponding author, E-mail: dcpark@cnu.ac.kr
Copyright © The Korea Institute of Military Science and Technology

진화알고리즘은 안테나 배열 소자의 개수가 증가할수록 위상을 조정해야 하는 경우의 수가 다양해지므로 사용자가 원하는 정확한 패턴 결과를 도출하기가 매우 어렵게 되는 조기수렴 현상이 일어난다³⁾. 이러한 문제는 해집단(개체군, individuals) 개수를 증가시켜 높은 탐색의 다양성을 확보함으로써 개선될 수 있으나, 개체군 개수의 증가는 전반적인 연산속도를 느리게 하는 단점을 유발시킨다.

이러한 유전알고리즘의 단점을 극복하기 위한 다양한 연구가 진행되고 있으며, 일반적인 세대 진화알고리즘의 구조에 양자화 계산의 아이디어를 적용한 양자화 진화알고리즘(Quantum-inspired Evolutionary Algorithm, QEA)⁴⁾ 이 대표적인 예이다. 양자화 진화알고리즘은 해집단을 정해진 위상값이 아닌 확률로 다루는 특징을 가지며 이러한 특징은 위상값 탐색 구간 내에서 최적 위상값을 탐색할 때, 보다 다양한 구간을 탐색할 수 있는 특징을 가지기 때문에 좁은 구간 내에서 잘못된 해에 수렴된 뒤 다시 개선되지 못하는 조기수렴 현상을 개선할 수 있다. 이러한 다양성을 강조한 구조로 인해 많은 개체군 개수가 필요하지 않게 되어 처리속도 측면에서 우수한 장점을 갖게 되어 컴퓨터 연산 분야의 최적화 문제에 주로 이용되고 있다⁵⁻⁷⁾.

본 논문에서는 이러한 양자화 진화알고리즘을 위상 배열안테나 구조에서의 널 패턴합성에 적용하였으며, 개체군 수에 따른 패턴합성 결과를 기존 유전알고리즘과 비교분석하였다.

2. 양자화 진화알고리즘

양자화 진화알고리즘은 모든 개체를 확률로 나타내어 확정된 값을 갖는 개체를 다루는 다른 진화 알고리즘들에 비해 다양성을 강조시켰다. 확률로 이루어진 양자 개체군을 통해서 갱신하기 때문에 개체의 다양성이 유지되어 우수한 수렴도를 보여주고, 단일 개체에서도 지역 탐색과 전역 탐색을 동시에 수행하므로 자손 생성을 위해 충분한 개체 수가 필요한 유전 알고리즘에 비해 처리속도가 개선된 특징을 보였다. 양자화 진화알고리즘은 매 세대 간 해를 갱신하는 진화 연산 과정을 양자화 계산(quantum computation)방식을 통해 수행하며, 양자화 계산이라는 독특한 구조를 이용하므로 기존의 진화알고리즘과 해의 표현법에서 많은 차이를 갖게 된다. 양자화 진화알고리즘은 0과 1로

결정되는 고전적인 이진비트가 아닌 0 과 1로 결정될 확률 값을 가진 양자 상태의 데이터로 정의 된다. 하나의 비트는 0과 1 상태의 확률을 의미하는 복소수 a, b 로 표현되며, 각 비트의 상태는 식 (1)과 같이 표현할 수 있다. 또한 식 (2)는 a, b 각각의 제곱이 비트 상태 0과 1의 확률이라는 것을 나타내고 있으며 확률의 총합은 항상 1을 만족한다. 따라서 명확한 종료 조건 설정이 가능하다.

$$|\Psi\rangle = a|0\rangle + b|1\rangle \quad (1)$$

$$1 = |a|^2 + |b|^2 \quad (2)$$

양자화 진화알고리즘을 배열안테나에 적용할 경우, 하나의 개체는 비트수와 배열소자수에 의해 결정되는 특정 비트열로 표현되며, 식 (3)은 이러한 비트열을 확률 a, b 로 표현하기 위해 $2 \times$ 비트열 형태의 행렬로 표현된 양자개체라고 정의한다. 식 (4)는 양자개체의 집합인 확률 상태의 개체군 즉, 양자 개체군을 보여주고 있다.

$$q_j^t = \begin{bmatrix} a_{j1}^t & a_{j2}^t & \dots & a_{jm}^t \\ b_{j1}^t & b_{j2}^t & \dots & b_{jm}^t \end{bmatrix} \quad (3)$$

$$Q(t) = \{q_1^t, q_2^t, q_3^t, \dots, q_n^t\} \quad (4)$$

식 (5)는 식 (3)에 의해 각 비트열 값들이 결정된 배열안테나의 위상으로 표현되는 개체를 보여주며, 식 (6)은 식 (5)에서 결정된 개체로 이루어진 개체군을 보여준다.

$$\beta_j^t = [\theta_1, \theta_2, \theta_3, \dots, \theta_m] \quad (5)$$

$$P(t) = \{\beta_1^t, \beta_2^t, \beta_3^t, \dots, \beta_n^t\} \quad (6)$$

Fig. 1은 양자화 진화알고리즘의 순서도를 보여주고 있다. 일반적인 최적화 알고리즘들과 마찬가지로 초기 개체군을 생성하면서 알고리즘이 구동되는데 이때, 식 (4)와 같이 확률을 가진 양자 개체군 상태로 시작하게 된다. 다음으로 확률로 이루어진 양자 개체군에서 해당 비트 주소의 확률에 의해 0과 1의 비트 상태가 결정된 개체군 $P(t)$ 가 식 (6)과 같이 생성된다. 정해진

값으로 이루어진 개체군 $P(t)$ 를 비용함수에 대입하여 최우수 개체를 선별한 후 나머지 개체들을 최우수 개체와 비교하여 다음 세대에 나머지 개체들이 최우수 개체와 같은 값이 나오는 방향으로 확률을 조정하게 된다. 비용함수는 3장에서 추가 설명하도록 한다.

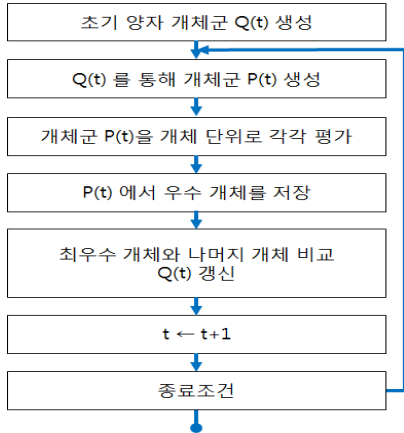
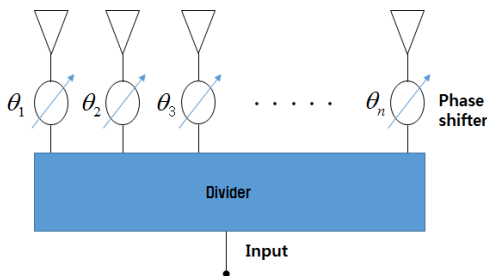


Fig. 1. Flowchart of quantum-inspired evolutionary algorithm

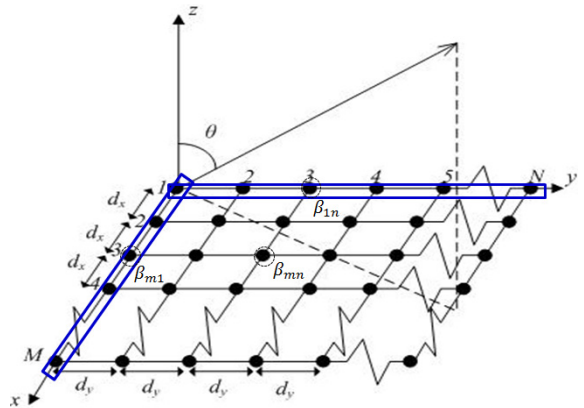
3. 양자화 진화알고리즘의 배열안테나 적용 개념

Fig. 2 (a)는 양자화 진화알고리즘을 적용하여 적응형 빔형성 및 널패턴 합성 방법을 간단히 설명하기 위한 선형 배열안테나의 개념도이다. 본 논문에서는 평면 배열안테나 구조에 급전 위상만을 조정하여 널패턴을 합성하였으며 이에 대한 기하학적 구조는 Fig. 2 (b)와 같다.

이때, 급전 위상들을 하나의 집합으로 표현한 식 (5)에서처럼 $\beta = [\theta_1, \theta_2, \theta_3, \dots, \theta_n]$ 를 개체라 정의하고, 이를 알고리즘에 적용시키게 된다.



(a) Adaptive beam-forming with phase-only adjustment



(b) The geometry of planar array antenna

Fig. 2. Concept of array antenna

배열안테나 구조에서 패턴합성을 위한 양자화 진화 알고리즘을 적용하기 위해서는 배열안테나의 패턴함수를 표현하고 최적화 연산을 위한 변수를 정의하여야 한다. $m \times n$ 평면 배열안테나의 일반적인 패턴함수 $P(\theta, \phi)$ 는 식 (7)과 같다^[8].

$$P(\theta, \phi) = |AF(\theta, \phi)| = \sum_{n=1}^N \sum_{m=1}^M e^{j[(m-1)(k_0 d_x \sin \theta \cos \phi + \beta_x) + (n-1)(k_0 d_y \sin \theta \sin \phi + \beta_y)]} \quad (7)$$

본 논문에서는 $m \times n$ 평면배열안테나의 각 복소소자에 서로 다른 위상을 급전하여 개별적인 최적화가 가능하도록 식 (7)을 식 (8)과 같이 변환하였으며, 이때 각 소자별 위상차들의 모임을 식 (9)와 같이 정의하였다.

$$\sum_{n=1}^N \sum_{m=1}^M e^{j[\beta_{mn} + (m-1)(k_0 d_x \sin \theta \cos \phi) + (n-1)(k_0 d_y \sin \theta \sin \phi)]} \quad (8)$$

$$\beta_{mn} = (m-1)\beta_x + (n-1)\beta_y \quad (9)$$

식 (10)은 진화알고리즘을 동작시키는 과정에서 개체 품질의 기준을 나타내기 위해 사용되는 일반적인 비용함수이다. 이때, θ_n, ϕ_n 은 n 번째 간섭신호의 인가방향을 나타내며, N 은 총 간섭신호의 개수를 의미하고 θ_s, ϕ_s 는 주빔의 방향을 의미한다. 이러한 비용함수 구조는 분모 부분에 주빔 방향의 패턴세기를 입력하고 분자 부분에 널 방향 부분의 패턴세기를 입력

하여 비용함수가 줄어들수록 주빔의 패턴 세기는 유지되면서 널 방향의 패턴세기는 작아지는 알고리즘을 이용한다. 그러나 해당 비용함수는 분자 부분의 널 방향의 패턴세기가 극단적으로 작아질수록 분모 부분의 주빔 패턴크기가 수식에 영향을 주지 못하여 주빔의 열화가 큰 결과를 보여주는 문제가 발생한다.

$$F = \frac{\sum_{n=1}^N P(\theta_n, \phi_n)}{P(\theta_s, \phi_s)} \quad (10)$$

본 논문에서는 해당 비용함수가 분수 형태의 구조로 인해 주빔 패턴 크기가 수식에 영향을 끼치지 못하는 주빔의 열화 현상을 보완하기 위해 주빔 방향의 패턴크기와 널 방향 패턴크기를 각각 다른 항으로 분리한 구조를 갖는 식 (11)과 같은 형태의 비용함수를 이용하였다.

$$F = \sum_{n=1}^N P(\theta_n, \phi_n) - P(\theta_s, \phi_s) \quad (11)$$

4. 양자화 진화알고리즘의 배열안테나 적용 결과

평면 배열안테나에 양자화 진화알고리즘을 적용한 시뮬레이션 조건은 Table 1과 같다. 소자에 인가되는 전류의 진폭은 균일(uniform)하게 유지시키며, 전류의 위상만을 6 비트 위상변위기를 이용하여 조정하였다. 안테나 개별 소자는 등방성 패턴을 가지도록 설정하여 배열계수만을 고려하였으며, 주빔의 지향각도는 $\theta = 0^\circ$, $\phi = 0^\circ$ 방향으로 설정하였다. 이때, 양자화 진화알고리즘의 파라미터인 확률 회전 각도는 Table 2를 통해 구하였다.

Table 1. Simulation specification

Parameter	Value
Array size	12×12
Element spacing	0.7λ
Phase control bit	6 bit
Population size	16 or 4
Rotation angle for updating Q-bit	Table 2 참조

확률 회전 각도는 현재 개체군과 우수 개체군을 비트 단위로 비교하여 우수도가 더 높은 상태의 비트값 출현확률을 높이는 방향으로 이동하게 된다. 회전 각도가 크면 탐색속도가 빠르지만 탐색 해상도가 떨어지게 되어 수렴의 정확도가 떨어지게 되며, 너무 작은 값을 갖게 되면 전체적인 탐색속도가 느려지게 된다. 회전 각도의 크기는 수식적으로 결정되는 것이 아니라 반복적인 실험을 통해 최적의 값이 결정되며, 문제마다 다른 최적 값을 갖게 된다.

Table 2는 양자 개체의 확률이 조정되는 기준을 보여주고 있다. x_i 는 각 세대에서 최우수 개체가 아닌 임의의 개체에서 i 번 째 비트의 값을 의미하며 b_i 는 각 세대의 최우수 개체의 i 번 째 비트의 값을 의미한다. 우선 x_i 와 b_i 를 비교하여 오차가 있는지 확인하고 오차가 있으면 $\delta\theta$ 를 인가하여 확률을 변화시킨다. 확률을 변화시키는 기준으로, 최우수 개체와 일반 개체의 비용 값을 확인하여 비용 값이 우수한 개체라고 판단된 개체의 값에 근접하도록 확률이 조정되게 된다. 한편, x_i 와 b_i 값이 일치하는 경우에도 $\delta\theta$ 를 0.0025π 를 설정하는데, 이는 개체 요소의 다양성을 위해 확률 값이 정체되지 않게 하기 위한 수단이다.

Table 2. Look-up table

x_i	b_i	$f(x) \leq f(b)$	$\delta\theta$
0	0	false	0.0025π
0	1	false	0.025π
1	0	false	-0.025π
1	1	false	0.0025π

Fig. 3은 모든 소자에 동위상을 인가하였을 때, 즉 식 (1)에 소자 위상차 식 (2), 식 (3)을 0값으로 대입한 배열 안테나의 $\phi = 0^\circ$ 단면 패턴을 보여주고 있으며, 방해신호의 방향을 화살표로 도시하였다. Fig. 3의 패턴에 방해신호가 인가될 때 양자화 진화알고리즘과 유전알고리즘의 널 합성 패턴을 고찰해 보자.

첫 번째로, 한 개의 방해신호가 인가 시 개체군 수에 따른 널 패턴합성 및 알고리즘의 수렴 성능을 비교하였다. 이는 양자화 진화알고리즘이 매우 적은 개체를 가질 때 다른 알고리즘에 비해 상대적으로 우수한 결과를 보여주는 특징^[5]이 있다고 알려져 있어 배열안테나 구조에서도 이와 같은 장점이 있는지 확인

하기 위함이다. 이때 사용된 개체군 수는 16개와 4개로 한정하여 성능분석을 수행하였다.

두 번째로, 두 개의 방해신호가 인가되는 부엽으로 인가되는 경우와 주빔으로 인가되는 경우에 따라 알고리즘별 특성을 비교 분석하였다. 이때, 비교 대상이 되는 유전알고리즘의 경우 주요 파라미터인 돌연변이 확률을 0.5 %로 설정하였으며, 각 알고리즘의 성능을 판단하기 위해 200회씩 반복수행한 패턴 및 비용함수의 평균값을 사용하였다.

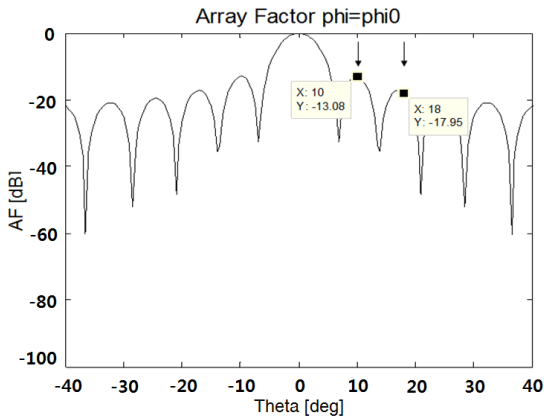


Fig. 3. Antenna array factor of a planar array with equal amplitude and phase excitations

4.1 개체군 수에 따른 적용 결과

앞서 설명한 바와 같이 개체군 수에 따른 유전알고리즘과 양자화 진화알고리즘의 성능을 고찰하기 위해 개체군 수를 16개와 4개로 나누어 각각에 대한 성능 분석을 수행하였다. 이때 방해신호는 첫 번째 부엽 방향으로 한 개가 인가되는 것으로 가정하였다.

Fig. 4는 개체군이 16개일 경우 유전알고리즘과 양자화 진화알고리즘을 이용하여 합성된 널 패턴 결과이다. 양자화 진화알고리즘의 경우 -106.2 dB 이상의 널 패턴이 생성되었고, 유전알고리즘의 경우 -99.1 dB의 널 패턴이 생성되어 두 알고리즘의 결과가 유사함을 확인하였다.

Fig. 5에서는 각 알고리즘의 비용함수 수렴도를 나타내었으며, 식 (11)을 이용하였다. 비용함수의 수렴도는 양자화 진화알고리즘의 결과가 약간 우수한 결과를 보이지만, 큰 차이가 보이지 않고 있어 한 개의 널 패턴을 생성하는 문제의 경우 16개의 개체군일 때 두 알고리즘이 비슷한 성능을 보이는 것을 확인하였다.

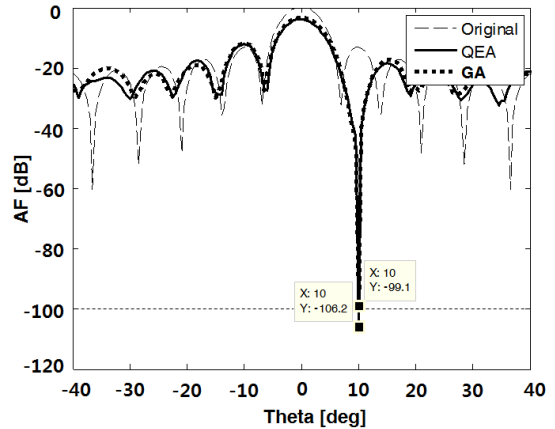


Fig. 4. Synthesized null pattern for the population size of 16

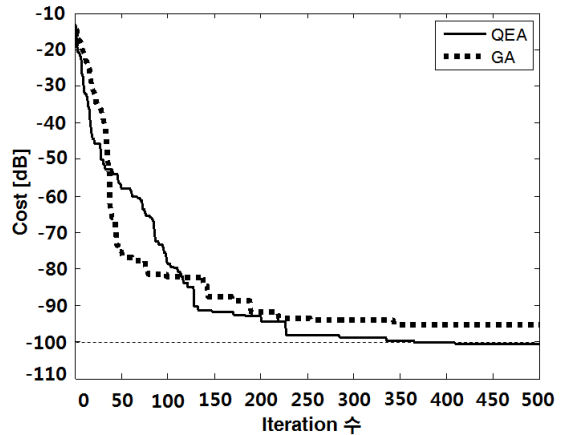


Fig. 5. Cost function for the population size of 16

Fig. 6은 개체군이 4개일 경우 유전알고리즘과 양자화 진화알고리즘을 이용하여 합성된 널 패턴 결과이다. 양자화 진화알고리즘의 경우 -101.8 dB 이상의 널 패턴이 생성되었고, 유전알고리즘의 경우 -89.13 dB의 널 패턴이 생성되었다. 앞서 개체군수가 16개일 경우와 비교 시 개체군 크기를 4개로 줄임으로 인해 상대적으로 유전알고리즘의 성능저하가 뚜렷한 것을 볼 수 있다.

Fig. 7에서는 비용함수의 수렴도를 보여주고 있으며, 유전알고리즘의 경우 세대 진행에 따른 수렴 정도가 눈에 띄게 나빠졌고, 결국 500회를 마친 최종 수렴도 측면에서는 양자화 진화알고리즘과 큰 차이를 보이는 것을 알 수 있다.

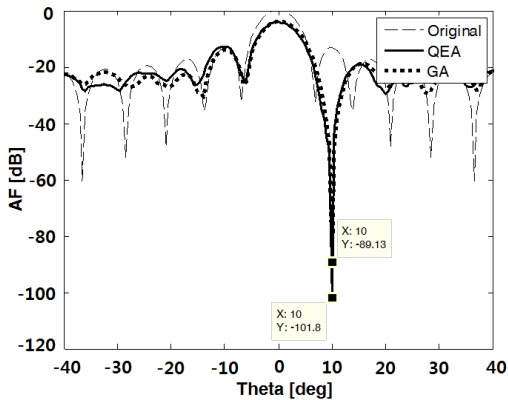


Fig. 6. Null pattern for the population size of 4

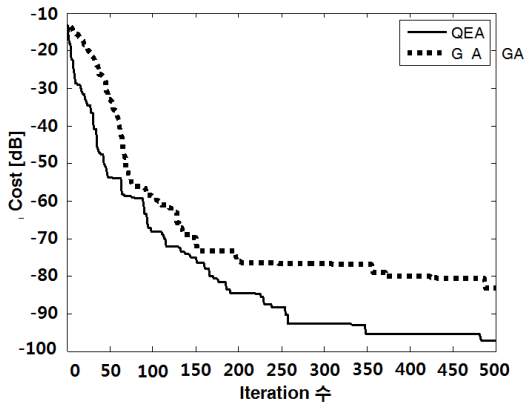


Fig. 7. Cost function for the population size of 4

4.1절을 통해 개체군의 수가 많을 경우(16개)일 때는 유전알고리즘과 양자화 진화알고리즘의 특성이 매우 유사하나, 개체군의 수가 작을 경우(4개)일 때는 양자화 진화알고리즘의 성능이 보다 우수함을 확인할 수 있었다.

4.2절에서는 두 가지 알고리즘의 특성이 유사한 16개의 개체군일 경우로 한정하여 방해 신호가 두 개일 경우 방해신호 인가 방향에 따른 각 알고리즘별 널 패턴 합성 및 수렴도를 비교 분석한다.

4.2 방해신호 수와 입사방향에 따른 적용 결과

본 절에서는 2개의 방해 신호가 서로 다른 방향에서 인가되었을 때 유전알고리즘과 양자화 진화알고리즘의 특성을 비교 분석 하였다. 이때 개체군의 수는 단일 방해 신호 인가 시 두 알고리즘의 성능이 유사한 16개의 개체군을 적용하였으며 2개의 방해 신호가

부엽으로 인가되는 경우와 주빔으로 인가되는 경우에 대해 각각 시뮬레이션을 수행하였다.

우선, 2개의 방해 신호가 부엽 방향으로 입사되는 경우에 대한 성능분석을 위해 4.1절과 마찬가지로 첫 번째 방해신호는 첫 번째 부엽 방향으로 입사되며, 두 번째 방해신호는 두 번째 부엽 방향으로 입사되도록 설정하였다. Fig. 8은 이러한 두 개의 방해신호를 적용한 유전알고리즘과 양자화 진화알고리즘의 결과를 나타내고 있다. 양자화 진화알고리즘의 경우 -98.43 dB, -98.24 dB의 널 패턴을 생성하였고, 유전알고리즘의 경우 -88.04 dB, -87.16 dB의 널 패턴을 생성하여 양자화 진화알고리즘의 널 패턴이 더 깊게 생성된 것을 볼 수 있다.

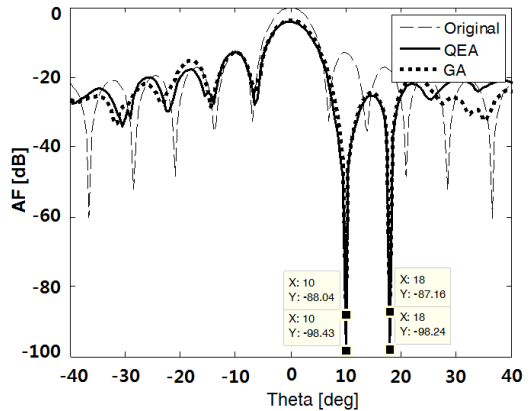


Fig. 8. Null pattern for the two interference signals injected to the side lobe

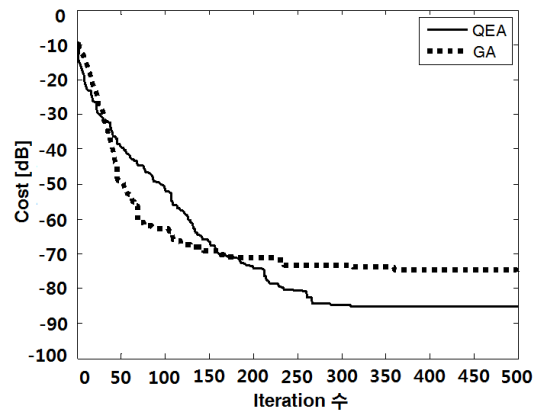


Fig. 9. Cost function for the two interference signals injected to the side lobe

Fig. 9에서는 비용함수의 수렴도를 보여주는데, 유전알고리즘이 초기 수렴도는 빠른 것에 반해 수렴 초기부터 조기수렴이 발생하여 최종 수렴도에서는 양자화 진화알고리즘의 수렴도가 우수한 것을 확인할 수 있었다.

이번에는 부엽으로 인가되는 두 개의 방해신호 문제보다 더 복잡한 조건에서의 성능을 비교하고자 주빔을 향해 $\theta = 5^\circ, 7^\circ$ 방향으로 입사되는 두 개의 방해신호를 가정하였다. 주빔 방향으로 방해신호가 인가되는 경우, 위상배열안테나의 널패턴 합성을 위해서는 매우 크고 규칙적이지 않은 위상변화가 필요하게 된다. 이는 부엽에 방해신호가 인가되는 경우보다 널패턴 합성이 더욱 어렵다는 것을 의미한다.

Fig. 10은 두 개의 방해신호가 주빔으로 입사되는 경우에 대한 유전알고리즘과 양자화 진화알고리즘의 널패턴 합성 결과를 보여준다.

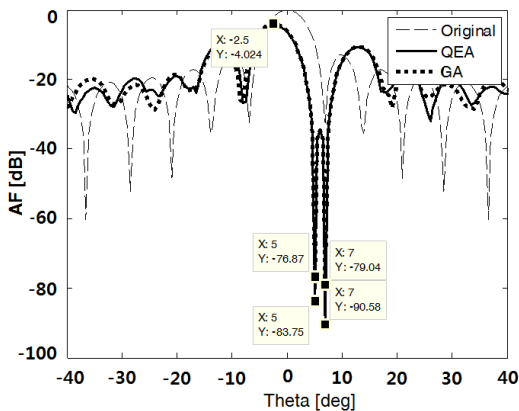


Fig. 10. Null pattern for the two interference signals injected to the main lobe

양자화 진화알고리즘의 경우 -83.75 dB, -90.58 dB의 널 패턴을 생성하였고, 유전알고리즘의 경우 -78.87 dB, -79.04 dB의 널 패턴을 생성하였다. 두 알고리즘 모두 변칙적인 문제에 대해 성능이 저하됨을 확인할 수 있으나, 그럼에도 불구하고 양자화 진화알고리즘이 유전알고리즘보다 상대적으로 우수한 널 패턴을 생성하였다.

Fig. 11의 붉은 점들은 Fig. 10에서 보여준 널패턴 합성을 위한 144개(12×12) 소자들 각각의 최적 위상값을 나타내고 있다. 이때, 주빔의 왜곡현상을 최소화하기 위해 6 비트의 위상변위기의 최상위 비트를 제외

하고 하위 5 비트만을 사용^[9]하여 위상을 조정하였으며 이로 인해 위상값이 -90° 에서 $+90^\circ$ 범위에서 결정되는 것을 알 수 있다.

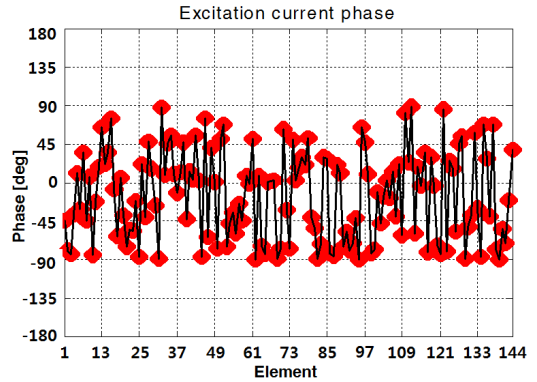


Fig. 11. Optimum phase value for Fig. 10

Fig. 12는 각 알고리즘별 비용함수 수렴도를 나타내고 있으며 모든 구간 동안 유전알고리즘보다 양자화 진화알고리즘이 우수한 결과를 나타내는 것을 확인하였다.

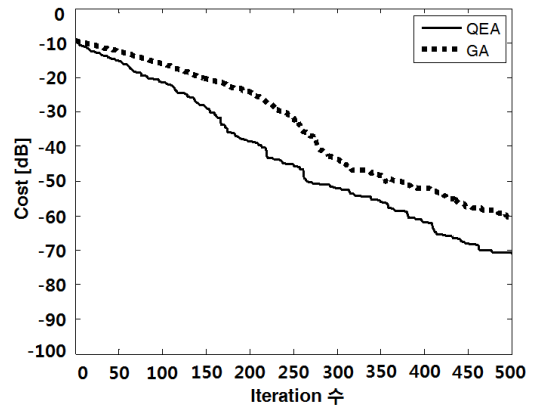


Fig. 12. Cost function for the two interference signals injected to the main lobe

다음으로, 500회의 iteration 수를 가지는 과정을 200회 수행하여 평균한 알고리즘 처리시간을 Table 3에 나타내어 시간 측면의 성능을 비교하였다. 그 결과 양자화 진화알고리즘이 유전알고리즘에 비해 더 빠른 속도를 보여주고 있음을 확인하였다. 이때 사용된 컴퓨터의 사양은 Table 4와 같다.

Table 3. Comparison of the processing time

알고리즘	처리시간 (iteration=500)
QEA	2.4 s
GA	3.26 s

Table 4. Computer specification

CPU	Intel(R) Core(TM) i5-3470 CPU @ 3.20 GHz
RAM	8.00 GB
OS	Windows 7 (64-bit)

5. 결론

본 논문에서는 12×12 평면 위상배열안테나 구조에 컴퓨터 연산 분야의 최적화 문제에 주로 사용되고 있는 양자화 진화알고리즘을 적용하여 널 패턴을 합성하는 기법에 대해 고찰하였다. 양자화 진화알고리즘의 가장 큰 장점인 적은 개체군에서의 우수한 연산결과를 확인하기 위해 위상배열안테나 구조의 널 패턴 합성에 주로 사용되는 유전알고리즘과의 성능을 비교 분석하였다. 이때 사용된 개체군수는 16개, 4개로 한정 비교하였다. 두 가지 알고리즘의 특성 분석 결과, 상대적으로 개체군수가 많은 16개의 개체군일 때는 기존의 유전알고리즘과 성능적인 차이가 매우 미약했으나, 개체군수가 적은 4개의 개체군일 때는 양자화 진화알고리즘이 매우 우수한 특성을 나타내었다. 이를 통해 기존 진화알고리즘의 조기수렴 문제를 해결하기 위해 다수의 개체군을 가짐으로써 발생하는 연산속도 저하 현상을 양자화 진화알고리즘을 통해 극복할 수 있음을 확인하였다.

References

- [1] Kai-Bor Yu, "Adaptive Beamforming for Satellite Communication with Selective Earth Coverage and Jammer Nulling Capability," IEEE Transactions on Signal Processing, Vol. 44, No. 12, Dec. 1996.
- [2] Daniel W. Boeringer, Douglas H. Werner, and David W. Machuga, "A Simultaneous Parameter Adaptation Scheme for Genetic Algorithms with Application to Phased Array Synthesis," IEEE Transactions on Antennas and Propagation, Vol. 53, No. 1, pp. 356-371, Jan. 2005.
- [3] L. Haupt, "Adaptive Antenna Arrays Using a Genetic Algorithm," Adaptive and Learning Systems, IEEE Mountain Workshop, pp. 249-254, July 2006.
- [4] K. H. Han and J. H. Kim, "Genetic Quantum Algorithm and its Application to Combinatorial Optimization Problem," Proceedings of the 2000 Congress on Evolutionary Computation, Piscataway, NJ: IEEE Press, Vol. 2, pp. 1354-1360, July 2000.
- [5] K. H. Han and J. H. Kim, "Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm for a Class of Combinatorial Optimization," IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Vol. 6, No. 6, pp. 580-593, Dec 2002.
- [6] S. H. Jang, Y. W. Jung, W. Kim, J. B. Park, and J. R. Shin, "A Thermal Unit Commitment Approach based on a bOunded Quantum Evolutionary Algorithm," The Transactions of The Korean Institute of Electrical Engineers, Vol. 58, No. 6, pp. 1057-1064, June 2009.
- [7] D. W. Lee, J. W. Ahn and K. Y. Choi, "A Memetic Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm for Circuit Bipartitioning Problem," ISOC 2012 Conference, pp. 337-340, Nov. 2012.
- [8] C. A. Balanis, Antenna Theory - Analysis and Design, John Wiley & Sons, pp. 349-356, 2005.
- [9] Y. J. Lee, J. W. Seo, J. K. Ha, and D. C. Park, "Null Steering of Linear Phased Array Antenna Using Genetic Algorithm," Microwave Conference, 2009, APMC 2009, Asia Pacific, pp. 2726-2729, Dec. 2009.

[1] Kai-Bor Yu, "Adaptive Beamforming for Satellite