

유전자 알고리즘에 의한 상호결합이 고려된 소나 배열의 허용오차 분석

김진섭*, 강나단*, 이지용*, 김형동**

*한양대학교 전자통신전파공학과, **한양대학교 전자전기공학부

Analysis of Error Tolerance in Sonar Array with mutual coupling by Genetic Algorithm

Jinseob Kim*, Nadan Kang*, Jiyong Lee*, Hyeongdong Kim**

*Dept. of Electronic Communication & Radio Science Eng., Hanyang Univ.

**Dept. of Electrical & Computer Eng., Hanyang Univ

jinseobkim@ihanyang.ac.kr, hdkim@hanyang.ac.kr

요약

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 소자간의 상호결합이 고려된 경우 빔 패턴 오차의 허용범위를 만족하는 개별소자의 허용오차를 분석하였다. 소나 배열을 통한 빔 패턴은 개별소자에 인가되는 가중치 뿐 아니라 소자간의 방사임피던스 즉 자기방사 임피던스와 음원 상호간의 음향적 간섭에 의한 상호방사 임피던스에 따라 달라진다. 본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 상호결합이 있는 경우에 대해 1 차원 과 2 차원 배열에서 주어진 빔 패턴 허용 범위를 만족하는 각 소자별 허용오차 분석하였다.

1. 서론

소나 배열을 이용하여 빔 패턴을 설계할 경우 빔폭(beam width), 부엽준위(side lobe level), 지향성(directivity)등 사용목적에 가장 중요한 특성을 기준으로 최적 합성 방법을 선택하여 개별소자의 가중치를 부여하게 된다. 이 때, 최적 빔 합성의 가장 큰 전제는 모든 가중치의 값이 정확히 여기 된다는 것이나 실제 배열에서 가중회로를 구성 했을 때 소자간의 음향적인 간섭에 의한 상호 방사임피던스로 인해 원하는 최적 가중치를 정확히 여기 시키기 힘들다. 또한 대량 양산용 배열소자를 사용할 경우 소자의 제조 공정상 연구실 수준에서 고려되었던 소자특성을 벗어난 것을 사용할 확률이 커지게 된다. 따라서 설계 빔 패턴으로부터 특성이 크게 벗어나지 않는 허용 빔 패턴을 구현하기 위해서, 소자의 허용오차 범위를 제시하고 이를 바탕

으로 설계시 고려해 주는 것이 중요하다. 기존의 오차 분석을 위한 수치적 통계 방법은 변수가 많아지는 2 차원 배열에서는 계산량이 너무 많아져 개별 소자들의 오차를 구하는 것이 매우 어렵거나 불가능 하며 이를 개선하기 위해 제안된 Monte-Carlo 방법[1]은 시뮬레이션 하는 동안 랜덤하게 발생시키는 횟수에 크게 의존하기 때문에 정확한 해석을 위해서는 많은 계산량이 필요하며 배열안테나의 허용오차 규정을 고려하면서 빔 패턴 합성으로의 확장은 어렵다는 결점을 가지고 있다. 기존 방법의 문제점을 극복하기 위해 본 논문에서는 유전자 알고리즘[2]을 이용하여 부엽준위, 영점(nulls), 빔폭등과 같은 복잡한 여러 인자들을 가지고 있는 1 차원과 2 차원 배열 안테나의 주어진 빔 패턴 오차 허용범위를 만족하는 각 소자별 허용오차의 범위를 자기방사 임피던스 및 상호방사 임피던스가 고려된 경우에 모의실험을 통해 비교 분석하였다.

2. 이론적 배경

2.1 패턴의 허용범위규정

배열 안테나는 각 소자에 특정 가중치를 주어 원하는 빔 패턴을 만들 수 있다. 그림 1 과 같이 두개의 소자로 이루어진 안테나를 예로 들면, 각 소자간 상호결합 M_{12} 가 있고 특정 진류값 P_1^0, P_2^0 를 인가하여 설계된 원하는 빔 패턴을 형성하게 된다. 그러나 P_1^0 과 P_2^0 를 정확히 여기 시키지 못하여 오차가 발생할 경우 원하는 빔 패턴이 형성되지 않고 찌그러지게 된다. 따라서

원하는 최적 빔 패턴을 갖는 소나배열을 제작하기에는 현실적으로 어렵기 때문에 최적 빔 패턴에서 허용 가능한 오차 범위 즉, 주빔의 이득이나 최대 부엽준위 등에 허용 변동폭을 주어 제작하게 된다. 따라서 그림 1에 나타낸 바와 같이 주어진 허용 빔 오차로부터 각 소자간의 상호결합이 있는 경우의 허용 오차를 역으로 계산하는 것이 본 논문의 목적이다.

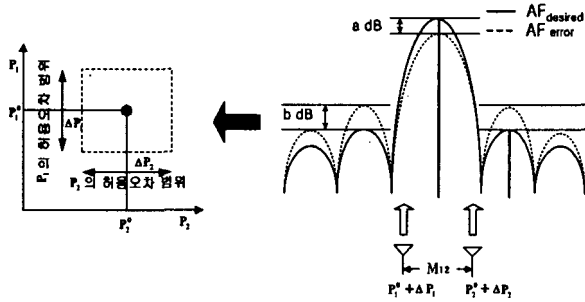


그림 1 패턴 허용범위

2.2 임피던스로의 변환

상호결합이 고려된 경우는 그림 2에 나타난 압전기 등가회로를 통해 개별진동체에 인가되는 전류값 P_i^0 을 임피던스값 Z_i 로 변환하여 임피던스를 새로운 가중치로 하여 Z_i 의 크기 및 위상오차를 분석하고자 한다.

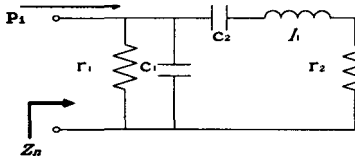


그림 2 압전기의 등가회로

$$(I + \Delta I)_{N \times 1} = [Y_{self}]_{N \times N} \{V\}_{N \times 1} \quad (1)$$

$$(I + \Delta I)_{N \times 1} = [Y_{self} + \Delta Y_{self}]_{N \times N} [Y_{mutual}]_{N \times N} \{V\}_{N \times 1} \quad (2)$$

상호결합을 고려하지 않은 기존의 오차분석은 식 (1)에서 전류값의 허용오차를 분석[3]했으나 상호결합이 고려된 경우는 식 (2)와 같이 임피던스를 새로운 가중치로 고려해서 자기방사 임피던스의 허용오차를 분석하면 된다. 여기서 Y_{self} 는 자기방사 어드미턴스를 ΔY_{self} 는 구하고자하는 오차가 포함된 자기방사 어드미턴스의 나타내고 Y_{mutual} 는 소자간 상호방사 어드미턴스 행렬[4]로 식 (3)에 의해 얻어진다.

$$Z_{ij} = Z_{ii} \left[\frac{\sin kd_{ij}}{kd_{ij}} + j \frac{\cos kd_{ij}}{kd_{ij}} \right] \quad (3)$$

여기서 k 는 전파상수이며 d_{ij} 는 소자간의 간격을 나타낸다.

$$[Y_{self} + \Delta Y_{self}]_{N \times N} = \begin{bmatrix} Z_{11} + \Delta Z_{11} & 0 & \dots & 0 \\ 0 & Z_{22} + \Delta Z_{22} & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & Z_{NN} + \Delta Z_{NN} \end{bmatrix} \quad (4)$$

$$[Y_{mutual}]_{N \times N} = \begin{bmatrix} 1 & Z_{12} & \dots & Z_{1N} \\ Z_{21} & 1 & \dots & Z_{2N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ Z_{M1} & Z_{N2} & \dots & 1 \end{bmatrix}^{-1} \quad (5)$$

식 (4)는 오차가 포함된 자기방사 임피던스 행렬을 식 (5)는 소자간의 상호방사 임피던스 행렬을 나타낸다. 결과적으로 전류 가중치는 개별소자의 등가모델을 통해 임피던스 변환되어 소자간의 상호결합이 고려된 경우의 논문에서 규정한 빔 패턴의 허용범위를 만족하는 임피던스의 최대 허용오차를 구할 수 있다.

2.3 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 자연선택과 변이라는 다윈의 진화론에 바탕을 둔 최적화 방법이다. 이 알고리즘은 최적화가 필요한 특성값들을 코드화(encoding)된 유전자(gene)의 모임인 염색체로 나타내며, 일련의 염색체(chromosome)가 하나의 개체(individual)를 의미하게 된다. 개체의 모임은 개체군(population)을 형성하여 한 세대(generation)가 된다. 임의로 선택되어진 개체들은 선택, 교배, 돌연변이 과정을 거쳐 최적의 값으로 진화하여 수렴한다. 유전자 알고리즘을 이용하여 소나 배열의 허용오차를 효과적으로 분석하기 위해서는 적합도 함수를 주어진 문제에 적절하게 정의해 주어야 한다.

개체군생성(Create population) : 본 논문에서 구하고자 하는 개별소자의 허용오차는 8bit로 구성된 유전자(gene)로 코드화 하였다. 0과 1을 임의로 8개를 발생시켜 다음과 같이 표현한다.

$$\Delta P_i = 10000100$$

N개의 소자로 배열이 이루어져 있다면 염색체는 다음과 같이 나타내어진다.

$$\text{Chromosome} = \left[\underbrace{11110000}_{\Delta P_1} \underbrace{10101011}_{\Delta P_2} \dots \dots \underbrace{00001010}_{\Delta P_N} \right]$$

N개의 유전자로 이루어진 염색체 M개가 $N \times 8$ bits의 행과 M bits 열을 구성함으로써 초기 개체군을 생성한다. N개의 유전자는 소나 배열에서 각각의

소자에 대한 오차값을 나타내며, M 개의 염색체는 하나의 개체 즉 하나의 소나 배열 소자들의 오차값 전체를 나타낸다.

적합도 함수(Fitness function) : 소나 배열과 유전자 알고리즘의 연결 고리인 적합도 함수는 오차와 배열 안테나와의 관계를 고려하여 식 (6), (7)와 같이 두 단계로 정의하였다. 식 (6)의 첫 단계 적합도 함수에서는 오차에 가장 민감하게 반응하는 주빔의 이득과 부엽준위의 증가를 적합도 함수에 적용하였으며, 주빔의 허용 오차는 $\pm 0.5\text{dB}$ 이고 부엽준위 허용오차는 $+5\text{dB}$ 로 설정하였다. 이와 같이 빔패턴의 허용오차값을 미리 설정해 줌으로써 유전자 알고리즘을 이용하여 임의의 허용 빔 오차에 대하여 각 소자의 허용오차를 분석할 수 있게 된다. 최대 오차 조합 범위는 주빔과 부엽준위의 허용오차를 100%로 꼭 맞게 만족하는 오차 조합 범위로 규정하기는 어렵기 때문에 통계학적으로 사용하는 95%의 만족도를 나타내는 범위를 최대 오차 조합 범위로 설정하였다.

$$\text{주빔의 허용오차} : |AF(\theta_0) - AF_{desired}(\theta_0)| < 0.5\text{dB} \quad (6)$$

(θ_0 : 주빔의 방향)

$$\text{부엽준위 허용오차} : AF(\theta_s) - AF_{desired}(\theta_s) < 5\text{dB} \quad (7)$$

(θ_s : 부엽의 위치)

$$F_1 = \frac{n(|AF(\theta_0) - AF_{desired}(\theta_0)| < 0.5) \cap (AF(\theta_s) - AF_{desired}(\theta_s) < 5)}{\text{전체샘플의개수}} \geq 0.95 \quad (8)$$

$$F_2 = \max \prod_{i=1}^N \Delta p_i \quad (9)$$

본 연구에서는 두개의 적합도 함수 F_1 과 F_2 를 사용하였다. 식 (8)과 (9)에서 볼 수 있듯이 제안된 유전자 알고리즘은 F_1 의 빔패턴의 허용오차를 만족하면서 배열 소자에서 허용오차가 최대가 되도록 허용오차의 곱인 F_2 가 최대값을 갖도록 진화하게 된다.

부모선택(Selection parent) : 개체군에서 K 개의 개체를 임의로 선택하여 가장 높은 적합도를 갖는 개체가 부모 1 이 된다. 이와 같은 선택 방법을 토너먼트 선택(tournament selection)이라 한다. 이 방법으로 부모(parent) 1 과 부모 2 를 만든다.

교배(Crossover) : 선택되어진 부모 1 과 2 는 교배 확률에 따라 새로운 형질을 나타내는 자식(child)을 생성하거나 부모의 형질이 그대로 복사되어진 자식을 형성한다. 본 연구에서는 교배확률을 많은 분야에서 보편적으로 사용하고 있는 확률인 0.6 으로 설정하였고

두 지점에서 교차가 일어나도록 하였다. 즉 교배가 일어날 확률은 0.6 이고 그대로 복제 되어질 확률은 0.4 이다.

돌연변이(Mutation) : 교배에 의해서 생성된 자식들을 돌연변이 확률에 의해 부모의 형질이 아닌 다른 값으로 변이하게 함으로써 지역해에 빠질 위험을 줄여주고 다른 범위에서도 최적해를 찾을 수 있는 자유도를 증가시켜 주게 된다. 여기서는 처음 돌연변이확률을 0.55 로 크게 설정하여 세대를 거듭함에 따라 점차적으로 줄어들어 0.03 이 되도록 하였다. 초기 돌연변이 확률을 크게 하는 것이 기존의 0.01~0.1 의 확률로 작게 설정하는 것보다 수렴 속도면에서 더 우수하다[5].

새로운 개체군 생성(Reproduce population) : 토너먼트 선택, 교배, 돌연변이 과정은 개체군이 초기 개체군을 구성하고 있는 M 개의 염색체로 채워질 때까지 계속한다.

3. 모의실험 및 결과

유전자 알고리즘을 이용하여 12 개 소자로 이루어진 선형 배열 안테나의 허용오차와 80 개 소자로 이루어진 평면 배열 안테나의 허용오차를 규정하였다.

3.1 12 개 소자의 선형 배열 안테나

1 차원 배열 안테나의 빔 패턴을 나타내는 식은 다음과 같다.

$$AF(\theta) = \sum_{n=1}^N I_n e^{j(nk_0 d \cos \theta)} \quad (10)$$

I_n : n 번째 소자의 진류크기

$$k_0 = \frac{2\pi}{\lambda}, \quad d = \frac{\lambda}{2} \text{ 간격으로 배열}$$

(10)식에 진폭오차 δ_n 과 위상오차 ϕ_n 이 인가된 식은 (11)식과 같다. 그림 2 는 유전자 알고리즘을 이용한 상호결합이 있는 경우와 없는 경우의 진폭오차 허용 범위이고 그림 3 은 구한 위상오차 허용 범위이다.

$$AF(\theta) = \sum_{n=1}^N I_n (1 + \delta_n) e^{j\phi_n} e^{j(nk_0 d \cos \theta)} \quad (11)$$

소자간의 상호결합으로 인해 각 소자의 진폭 및 위상 허용오차범위가 상대적으로 상호결합이 없는 경우에 비해 엄격(robust)해 짐을 알 수 있다.

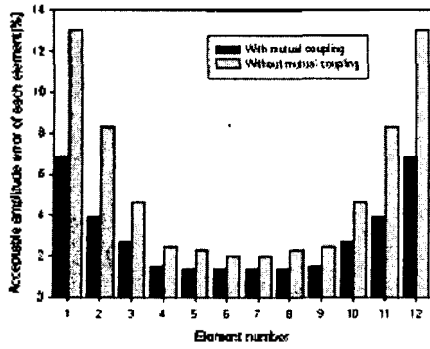


그림 2. 각소자의 진폭 상대 허용범위

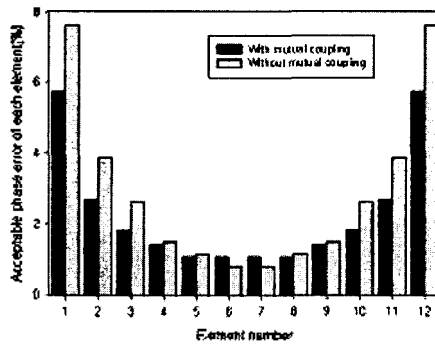


그림 3. 각 소자의 위상 상대 허용오차

3.2 80 개 소자의 평면 배열 안테나

2 차원 배열 안테나의 빔 패턴을 나타내는 식은(12) 이고 진폭오차와 위상오차이 인가된 식은 (13)와 같다.

$$f(\theta, \phi) = \sum_n \sum_m I_{mn} e^{jk_0(m'd_x \mu + nd_y \gamma)} \quad (12)$$

$$\begin{aligned} \mu &= (\sin \theta \cos \phi - \sin \theta_0 \cos \phi_0) \\ \gamma &= (\sin \theta \sin \phi - \sin \theta_0 \sin \phi_0) \quad , \quad k_0 : \frac{2\pi}{\lambda} \\ m' &= \begin{cases} m, & (n \text{이 짝수일 때}) \\ m + 1/2, & (n \text{이 홀수일 때}) \end{cases} \end{aligned} \quad (13)$$

그림 4 와 그림 5 는 상호결합이 고려된 경우 유전자 알고리즘을 이용하여 80 개 소자로 구성된 2 차원 배열안테나의 진폭 및 위상의 상대적 허용오차범위를 나타낸다.

4. 결론 및 향후 연구과제

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 상호 결합이 고려된 배열안테나의 주어진 빔 패턴 허용조건을 만족하는 오차범위를 분석하였다. 유전자 알고리즘 방법을 사용할 경우 안테나 소자 개수에 영향을 받지 않고 각 개별 소자들의 오차를 해석할 수 있는 장점이 있으며 가중치에 따라 각각 다른 진폭 및 위상오차를

구할 수 있음을 모의실험을 통해 확인하였다. 앞으로는 상호결합이 고려된 경우 최대 허용오차를 갖는 소나 배열을 합성할 수가 있으며 현재 이와 관련된 연구가 진행 중이다.

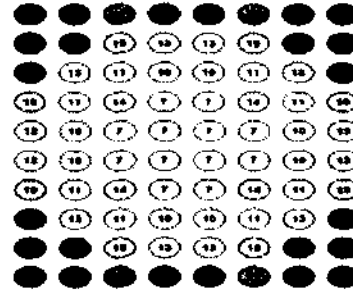


그림 4. 각소자의 진폭 상대 허용범위

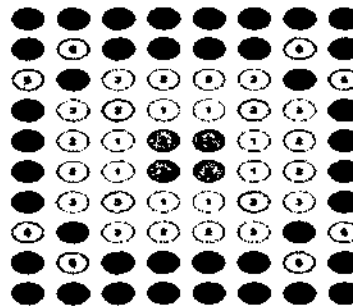


그림 5. 각소자의 위상 상대 허용범위

참고문헌

- 이용범, 이준영, 김형동, "Monte-Carlo 방법에 의한 소나배열 소자의 허용오차 규정", 한국음향학회지, 21 (3), 221-229, 2002.
- M. J. Johnson and Y.Rahmat-Samii, " Genetic algorithm optimization and its application to antenna design," IEEE AP-S International Symposium, 2, 326-329,1994
- 양수화, 김진섭, 김형동, "유전자 알고리즘에 의한 소나 배열소자의 허용오차 분석", 한국음향학회지, 22 (1), 475-478, 2003.
- 조치영, 서희선, 이정선, "방사 임피던스를 고려한 평면 배열 수중 음향 트랜스듀서의 최적 빔 설계", 한국음향학회지, 15 (1), 40-45, 1996.
- H. Shimodaira, "A new genetic algorithm using large mutation rates and population-elitist selection (GALME)," Proceedings Eighth IEEE International Conference on Tools with Artificial Intelligence., 25-32, 1996.