

Genetic Algorithm을 이용한 멀티 피크 빔의 최적방향탐색

황중우, 임성진, 엄기환, Yoichi Sato*
동국대학교 밀리미터파 신기술 연구센터
*도호 대학교 정보 과학과

Sweet spot search of multi peak beam using Genetic Algorithm

Jong Woo Hwang, Sung Jin Lim, Ki Hwan Eom, Yoichi Sato*
Milimeter-wave Innovation Technology Research Center (MINT)
Dongguk University

*Department of Information Sciences, Faculty of Science, Toho University

E-mail : elecgyu@dongguk.edu

Abstract

In this paper, we propose a method to find the optimal direction of the multi beam between each station on the point-to-point link by genetic algorithm. In the proposed method, maximum value in optimal direction on each station is used as a fitness function. The beam of millimeter wave generates a lot of multi-peak because of much influence of noise.

About each gene, we simulated this method using 16bit, 32bit, and 32bit split algorithm. 32bit split uses 16bit gene information. Each antenna makes 32bit gene information by adding gene information of two antennas having 16bit gene. Through the proposed method, we could have gotten a good output without 32bit gene information.

I. 서론

마이크로파의 wide-lobe 와 비교해서 밀리미터파 네트워크는 가는 빔(narrow beam) 링크로 구성이 되는데, 이것은 높은 방향성이 요구된다. 이러한 네트워크에서 point-to-point 로 연결된 빔은 적합한 방향에서 고정되는 것이 기본이 된다. 위성방송 안테나를 조정하는 실제적인 상황을 고려해보면, 그런 일은 SNR 감소나 예상치 못한 연결 끊김의 위험을 가지고 있다. 통신 상호간에 최적화된 방향을 유지할 수 있다면 밀리미터파를 이용하여 Giga-bps 전송을 실현할 수 있다고 생각된다. 밀리미터파의 빔은 많은 잡음의 영향으로 많은 멀티 피크가 발생하게 된다. [1]

본 논문은 point-to-point 링크 상에서 각 station 간의 빔은 멀티피크가 발생한다고 가정하고 그런 빔에서의 최적 방향을 유전자 알고리즘을 이용하여 찾는 방법을 제안한다. 제안한 방식은 각 station 의 최적의 방향에서 거리 함수를 적합도 함수로 이용하여 최대값이 되는 각도를 유전자 알고리즘으로 찾는 방식이다. 제안한 방식의 유용성을 확인하기 위하여 염색체의 길이가 각각 16bit, 32bit, 32bit split 인 경우에 대하여 개체 수와 세대 수를 변화시켜 수렴확률을 비교, 검토한다.

II. 수학적 모델

각 스테이션 사이의 수평선으로 부터의 각을 각각 θ_1, θ_2 라 하면 r_1 과 r_2 는 다음과 같이 주어진다.

$$r_1 = \left(\frac{1}{(\theta_1 + 0.1)^2 + 0.005} + \frac{1}{(\theta_1 - 0.1)^2 + 0.008} - 10 \right) / 400$$
$$r_2 = \left(\frac{1}{(\theta_2 + 0.1)^2 + 0.005} + \frac{1}{(\theta_2 - 0.1)^2 + 0.008} - 10 \right) / 400$$

적합도 함수 z 는 식 (1)과 같고, 그림 1.과 같이 최대가 되는 각도 θ_1, θ_2 를 유전자 알고리즘을 이용하여 탐색한다.

$$z = r_1 \times r_2 \tag{1}$$

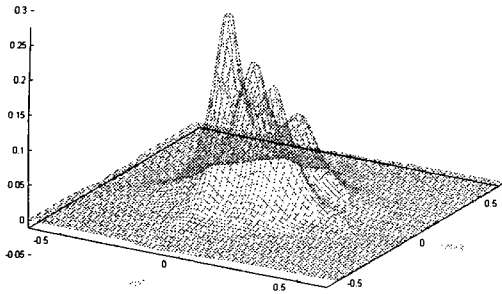


그림 1. 적합도 함수

III. 제안한 방식

제안한 방식은 두 스테이션에서 빔의 최적의 값을 구하는 것이다. 각 스테이션의 빔의 방향에 대한 정보가 각 세대의 개체(gean or corosome)가 되고 각 스테이션 r_1 , r_2 의 곱인 z 를 적합도 함수라고 가정하면 GA 를 이용하여 Sweet spot 을 찾을 수 있다. 즉, 그림 1.에서 최대의 값(peak of the figure)을 찾는 것이다.

통신 방식은 TTD 방식으로 하고 다음 그림 2.와 같이 안테나의 제어 정보를 보낸다. 밀리미터파 대역은 많은 데이터를 송수신 할 수 있다. [2] 또한 안테나 정보(Antenna signal) 는 아주 적은 비트를 차지하므로 통신성능에 미치는 영향은 거의 없다고 가정한다. 설계한 개체 수 만큼 통신이 끝나면 각각의 스테이션에서 다음 세대를 만드는 GA 를 수행할 때 까지 안테나 정보의 이동은 없다. 재생산 된 다음세대의 개체(Genes)가 안테나 정보(Antenna signal)가 되고 다시 서로의 스테이션간에 통신이 이루어진다. [3]

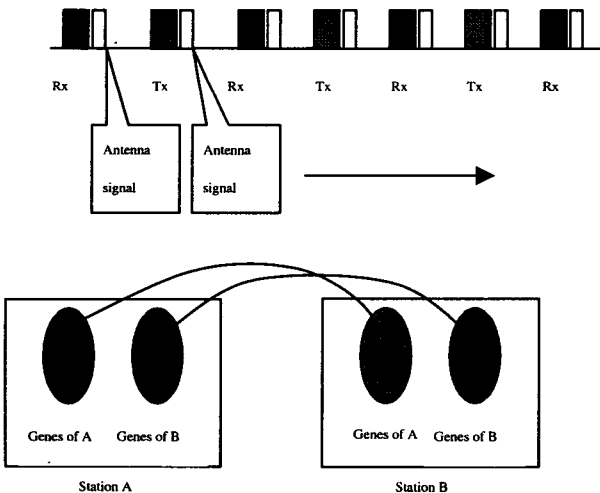


그림 2. TTD방식을 이용한 안테나간의 통신
 각 스테이션에서 서로의 안테나 정보를 주고받고 각각 GA 를 수행한다. 그래서 생산된 다음세대의 개체들이 다시 반대편의 스테이션으로 보내진다.
 제안한 방식을 순서도로 나타내면 그림 3.과 같다.

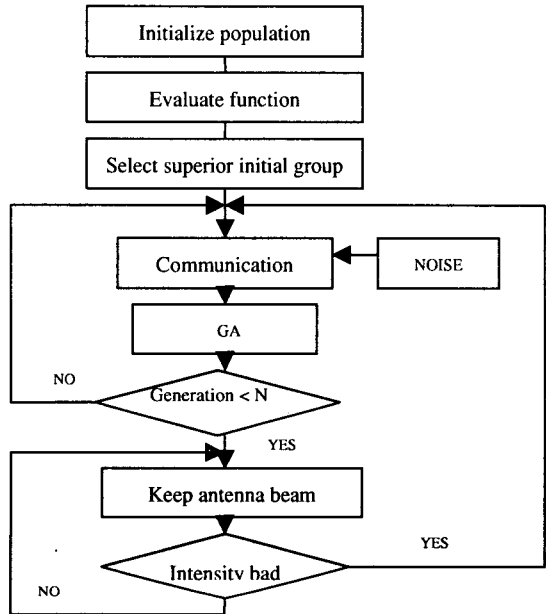
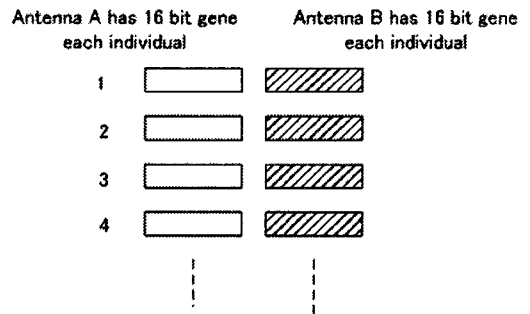
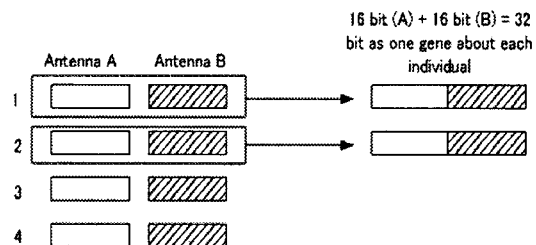


그림 3. 제안한 방식에 대한 순서도

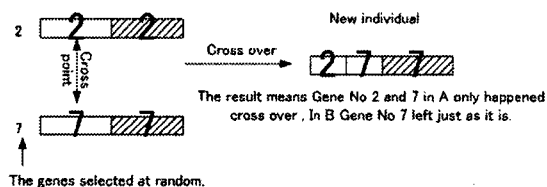
또한 GA 에서 염색체의 크기는 각각 16bit, 32bit, 32bitsplit 로 하며, 32bit split 는 다음과 같다.
 각 안테나는 16 비트의 유전자를 가지고 있다.



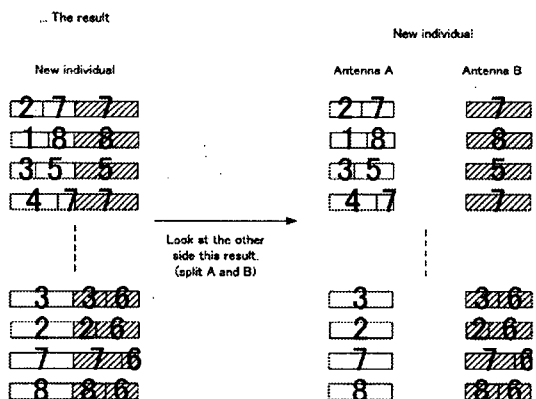
각 안테나의 동일 비트의 유전자를 하나로 보게 되면,



교배 과정에서,



The genes selected at random.
ex) 2 and 7, 3 and 11, ...



이 결과는 새로운 개체들의 절반 내부의 유전자들이 교배없이 남아있다는걸 나타낸다.

이 방식에서는 A 와 B 의 이동에 의해 16bit 유전자의 교배가 이루어지기 때문에 32bit GA 방식은 필요하지 않다.

IV. 시뮬레이션

각 스테이션은 유전자 알고리즘의 매 스텝에서 서로의 방향인 θ_1, θ_2 을 알고 있다고 가정하면 범의 최적의 방향을 찾을 수 있다. 본 논문은 이러한 가정하에 시뮬레이션 하였다. 적합함수는 $z=r_1 * r_2$ 이고 나머지 파라미

터는 표 1 과 같다.

표 1 시뮬레이션에 사용된 파라미터

파라미터	값
Generation	50 - 200
Population Size	10 - 100
Crossover Rate	1
Mutation Rate	0.04

시뮬레이션은 C 언어를 이용하여 수행하였고, 결과는 GNU Plot 으로 확인하였다.

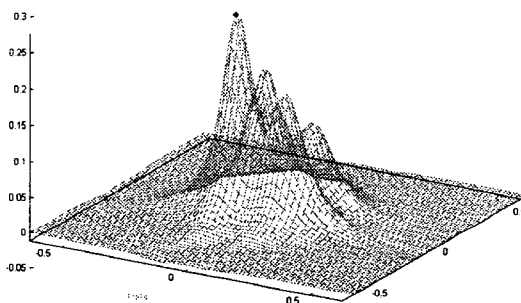
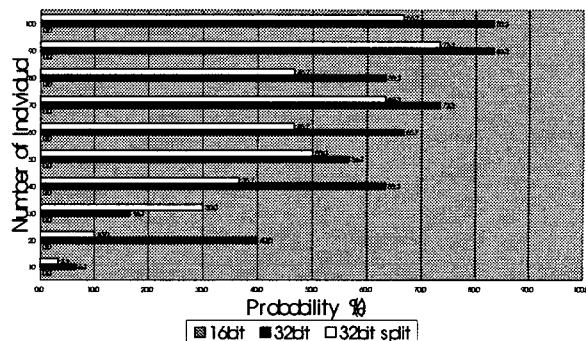


그림 4. 시뮬레이션 결과

시뮬레이션 결과 최종적으로 그림 4.에서와 같이 최대의 강도를 가지는 피크 값을 얻을 수 있었다. 각 개체들은 세대가 지나면서 보다 우수한 값으로 진화하게 되고, 최종적으로 최적 값에 수렴되는 것을 볼 수 있었다. 여기서 최적 값에 수렴하는 것은 첫 세대의 영향이 아주 강하다는 것을 알 수 있다.

또한, 세대 수와 개체 수를 변화시켜보고 이에 대한 수렴확률을 그림 5.와 그림 6.에 나타내었다.

Convergence probability of each means in 50 generations



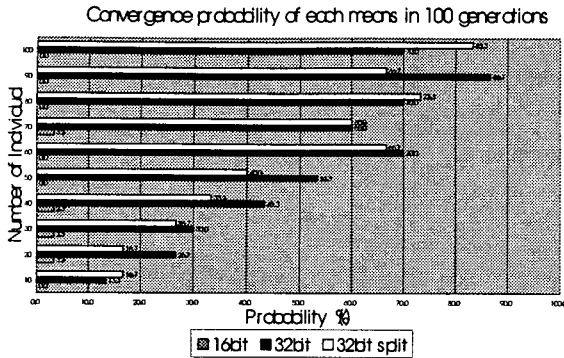
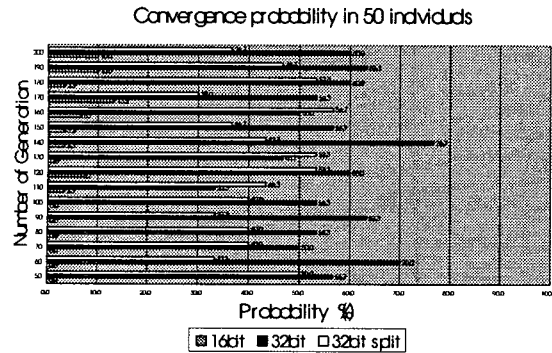


그림 5. 개체 수를 변화시켰을 때의 수렴확률



Convergence probability in 100 individuals

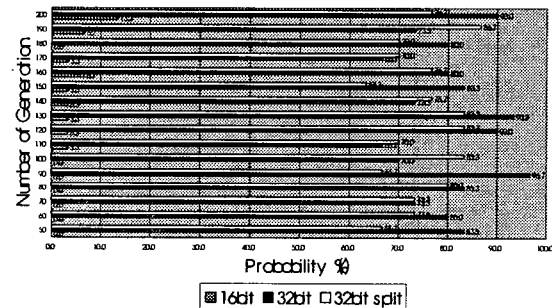


그림 6. 세대 수를 변화시켰을 때의 수렴확률

그림 5.은 탐색체 크기를 16bit, 32bit, 32bit split 로 한 경우에, 먼저 세대 수를 50, 100 세대로 정해놓고 개체 수를 변화시켰을 때의 수렴확률이고, 그림 6.은 개체 수를 50, 100 개로 정해놓고 세대 수를 변화시켰을 때의 수렴확률을 나타낸 것이다.

이 세가지 탐색체 크기에 대한 수렴확률을 비교해 본 결과 32bit, 32bit split, 16bit 순으로 나타났으며, 32bit

방식과 32bit split 방식이 16bit 방식보다 월등히 우수한 성능을 보였다.

VI. 결론 및 향후 과제

본 논문에서는 멀티피크상태의 밀리미터파 빔의 최적해를 유전자알고리즘을 이용하여 보다 효율적으로 찾아내는 방법을 제안하였다. 제안한 방식은 각 station 의 최적의 방향에서 거리함수를 적합도 함수로 이용하여 최대값이 되는 각도를 유전자 알고리즘으로 찾는 방식이다. 제안한 방식의 유용성을 확인하기 위하여 탐색체의 길이를 각각 16bit, 32bit, 32bit split 로 하여 개체 수와 세대 수를 변화시켜 수렴확률을 비교, 검토였다. 검토한 결과, 32bit 방식과 32bit split 방식이 16bit 방식에 비해 매우 좋은 결과를 보였다. 32bit 방식이 전반적으로 32bit split 방식에 비해 적게나마 더 나은 결과를 보였으나, 그 차이가 그다지 크지도 않을 뿐더러 32bit split 방식은 16bit 유전자를 이용한 방식이기 때문에 계산량이나 구현함에 있어서도 32bit split 방식이 보다 효율적이라 할 수 있겠다.

참고문헌

- [1]장병준, "60GHz 주파수 대역의 무선 통신 연구동향", ETRI, 2001
- [2] R. Becher, M. Dillinger, M. Haardt, and W. Mohr, "Broadband wireless access and future communication networks," *Proc. of the IEEE*, Vol.89, Jan. 2001, pp.58-75.
- [3] Man, K., "Genetic algorithms for control and signal processing", Springer, 1997.
- [4]John D. Kraus, "ANTENNAS", McGraw-Hill, Inc
- [5]Joseph C.Liberti,Jr and Theodore S. Rappaport "Smart Antennas For Wireless Communications", Pearson Education, Inc.,

※ 본 연구는 동국대학교 밀리미터파 신기술 연구센터를 통한 한국과학재단의 우수연구센터 지원금에 의하여 수행되었음.