

유전자 알고리즘에 의한 소나 배열 소자의 허용오차 분석

Analysis of Error Tolerance in Sonar Array by the Genetic Algorithm

양 수 화*, 김 형 동**
(Su-Hwa Yang*, Hyeong-Dong Kim**)

* 한양대학교 전자통신전파공학과, ** 한양대학교 전자전기공학부

(접수일자: 2003년 6월 13일; 수정일자: 2003년 7월 8일; 채택일자: 2003년 7월 21일)

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 빔 패턴 오차의 허용범위를 만족하는 개별소자의 허용오차를 분석하였다. 기존의 수치적 통계방법은 배열소자의 개수증가에 따라 계산량이 증가하는 문제점이 있고 이를 보완하기 위해 제안된 Monte-Carlo 방법은 낮은 정밀도와 빔 패턴 합성으로의 확장이 어렵다는 한계점을 가지고 있어 본 논문에서는 이러한 단점을 극복하기 위해 유전자 알고리즘을 이용한 소나 배열 소자의 허용오차 분석법을 제안하였다. 제안된 알고리즘을 이용하여 1차원과 2차원 배열에서 주어진 빔 패턴 오차 허용범위를 만족하는 각 소자별 허용오차 범위를 분석하였고 모의실험을 통하여 소나 배열 소자의 허용오차 범위가 타당함을 검증하였다.

핵심용어: 유전자 알고리즘, 빔패턴 허용오차, 개별소자 허용오차

투고분야: 수중음향 분야 (5.6)

In this paper, the error tolerance of each array element to ensure a given specified error level for the array pattern is analyzed using the Genetic Algorithm. In the conventional deterministic method for synthesis of sonar array problems the computational resource required in the simulation grows rapidly as the number of array elements increases. To alleviate this numerical inefficiency, the Monte-Carlo method may be considered as an alternative technique for array syntheses. However, it is difficult to apply the method to the synthesis of array patterns because of its relatively lower accuracy in spite of moderate computational complexity. A new analysis method for estimating error tolerances in sonar arrays is proposed since the Genetic Algorithm has significant promise to efficiently solve array synthesis problems. Through several numerical tests in linear and planar arrays, it is demonstrated that the proposed method can provide accurate results for error tolerances of sonar arrays.

Keywords: Genetic algorithm, Error tolerance of beam pattern, Error tolerance of array element

ASK subject classification: Underwater acoustics (5.6)

I. 서론

소나배열을 이용하여 빔 패턴을 설계할 경우 빔폭 (beam width), 부엽준위 (sidelobe level), 지향성 (directivity) 등 사용목적에 가장 중요한 특성을 기준으로 최적 합성 방법을 선택하여 개별소자의 가중치를 부여하게 된다. 이때, 최적 빔 합성의 가장 큰 전제는 모든 가중치의 값이 정확히 여기된다는 것이나 실제 배열에서 가중회로를 구성하였을 경우 원하는 최적가중치를 정확히 여기시키기 힘들다. 또한 대량 양산용 배열소자를 사용할 경

우 소자의 제조공정상 연구실 수준에서 고려되었던 소자 특성을 벗어난 것을 사용할 확률이 커지게 된다. 따라서 설계 빔 패턴으로부터 특성이 크게 벗어나지 않는 허용 빔 패턴을 구현하기 위해서, 소자의 허용오차 범위를 제시하고 이를 바탕으로 설계시 고려해 주는 것이 중요하다.

기존의 연구에서는 개별소자의 오차를 정규분포를 갖는 랜덤변수로 모델링하여 해석하는 연구가 이루어져 왔는데, Ruzel[1]는 이를 바탕으로 진폭 및 부엽 준위의 영향을 유도하였고, Gilbert와 Morgan[2], Elliott[3]는 2차원 배열의 형태로 확장시켜 오차에 의한 배열의 이득 및 부엽준위의 영향을 해석하였다. 이들 대부분의 연구는 오차가 평균 부엽준위에 미치는 영향을 해석한 것으로서 실제 레이다 시스템에서 중요하게 작용하는 요소인 최

고 부엽준위와 관계는 Hsiao[4]에 의해 해석적 통계 방법으로 제안되었다. 그러나 해석적 통계 방법은 개별소자의 특성을 불규칙한 확률변수로 모델링하여 평균적으로 처리하기 때문에 그 해가 불확실하고, 소자마다 서로 다른 특성을 요구하는 문제에 있어서 최적의 경계치를 규정해 주기가 힘들다. 또한 수치적 통계 방법은 변수가 많아지는 2차원 배열에서는 계산량이 너무 많아져 개별 소자들의 오차를 구하는 것이 매우 어렵거나 불가능하다. 이러한 문제점을 해결하기 위하여 참고문헌[5]에서는 Monte-Carlo 방법을 사용하여 2차원 배열에서의 허용오차를 성공적으로 규정하였다. Monte-Carlo 방법은 한 소자의 오차구간을 일정하게 나누고 고정된 오차에서 다른 소자들의 오차를 단일분포로 랜덤하게 발생시켜 빔 허용오차를 만족하는지를 살펴봄으로써 오차 분산을 알아내는 것이다. 이 방법은 시뮬레이션하는 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.

부엽준위, 영점 (nulls), 빔폭 등과 같은 복잡한 여러 인자들을 가지고 있는 배열 안테나를 기존의 방법으로 최적화하는 것은 다소 어려운 일이다. 기존의 최적화 방법은 한 가지 제약 조건 하에 최적화하고 이렇게 구한 해는 지역해 (local solution)에 빠지는 경우가 종종 있다. 이런 상황에서 기존방법의 문제점을 극복하기 위해 본 논문에서는 유전자 알고리즘[6]을 이용하였다. 유전자 알고리즘은 진화론에 기초하여 개발되었으며 복잡한 비선형 문제에서 전역해 (global solution)를 구하는 방법으로 여러 응용분야에서 다양하게 적용되고 있다. 유전자 알고리즘에서는 임의의 초기 개체집단에서 출발하여 선택 (selection), 교배 (crossover), 돌연변이 (mutation)와 같은 유전 연산자에 의해 탐색영역내의 개체집단이 세대를 거듭하면서 전역해로 진화하게 된다. 이러한 유전자 알고리즘에서는 진화과정에서 우수개체와 불량개체의 판별을 위해 응용문제에 맞는 적합도 함수 (fitness function or cost function)를 정의해 주는 것이 매우 중요하다. 본 논문에서는 소나 배열의 허용오차를 효과적으로 분석하기 위하여 적합도 함수를 정의하고 유전자 연산을 통하여 정확한 배열 소자의 허용오차를 구하였다. 1차원과 2차원 배열에서 주어짐 빔 패턴 오차 허용범위를 만족하는 각 소자별 허용오차의 범위를 유전자알고리즘을 이용한 모의실험을 통하여 분석하였으며, 구해진 허용오차 범위 내에서 랜덤 오차를 발생시켜 제안한 방법의

정확도를 검증하였다.

II. 유전자 알고리즘

2.1. 배열 안테나의 허용오차

배열 안테나는 각 소자에 특정 가중치를 주어 원하는 빔 패턴을 만들 수 있다. 그림 1과 같이 두개의 소자로 이루어진 안테나를 예로 들면, 각 소자가 어떤 특정한 전류값 P_1 , P_2 로 설계되어 원하는 빔패턴을 형성하게 된다. 설계되어진 P_1 과 P_2 를 정확하게 여기시키지 못하여 오차가 발생할 경우 원하는 빔패턴이 형성되지 않고 찌그러지게 된다. 원하는 최적 빔패턴을 갖는 소나배열을 제작하기에는 현실적으로 어렵기 때문에 최적 빔패턴에서 허용 가능한 오차 범위 즉, 주빔의 이득이나 최대 부엽준위 등에 허용 변동폭을 주어 제작하게 된다. 설계된 개별 소자의 전류값에 대한 오차에 민감한 배열안테나는 주 빔의 이득 (지향성), 부엽준위, 그리고 빔 포인팅 오차 순이며, 빔 폭과 빔 형태에 대한 오차의 영향은 무시할 정도로 작다[7]. 개별소자에 발생하는 오차는 랜덤오차로써 오차 간 상관관계가 없으며 불규칙한 특성을 가지고 있으므로 보정이 불가능하므로 설계시에 그 영향을 미리 예측하여 설계하는 것이 중요하다. 그림 1에 나타낸 바와 같이 주어진 허용 빔 오차로부터 각 소자의 허용 오차를 역으로 계산하는 것이 본 논문의 목적이다.

2.2. 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 자연선택과 번이라는 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. 적합도 함수가 알고리즘이 최적의 값을 찾아 진화하는 기준을 제공하기 때문이다. 그림 2에 본 연구에서 적용된 유전자 알고리즘의 순서도를 나타내었다.

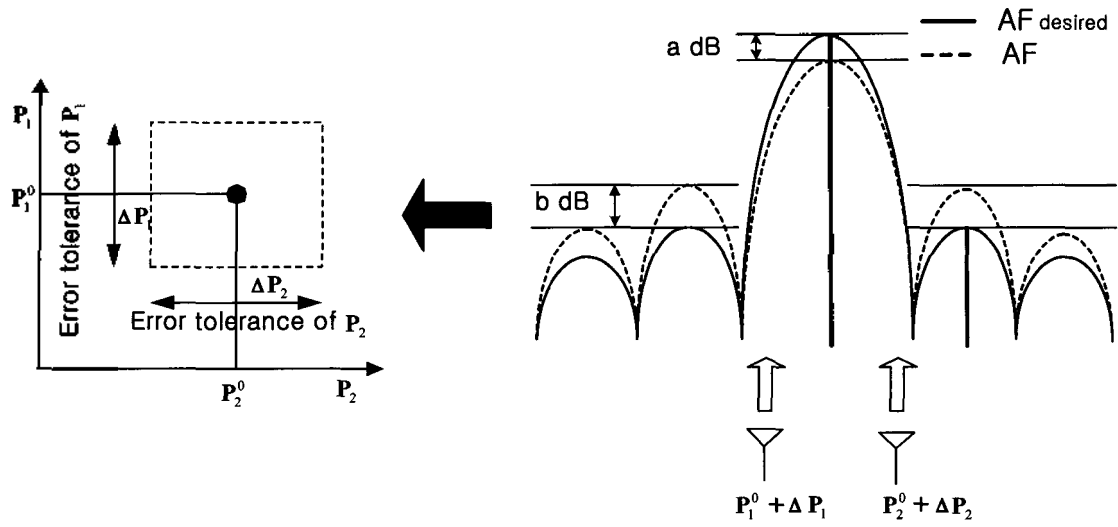


그림 1. 오차 발생과 빔오차
Fig. 1. Error occurrence and beam error.

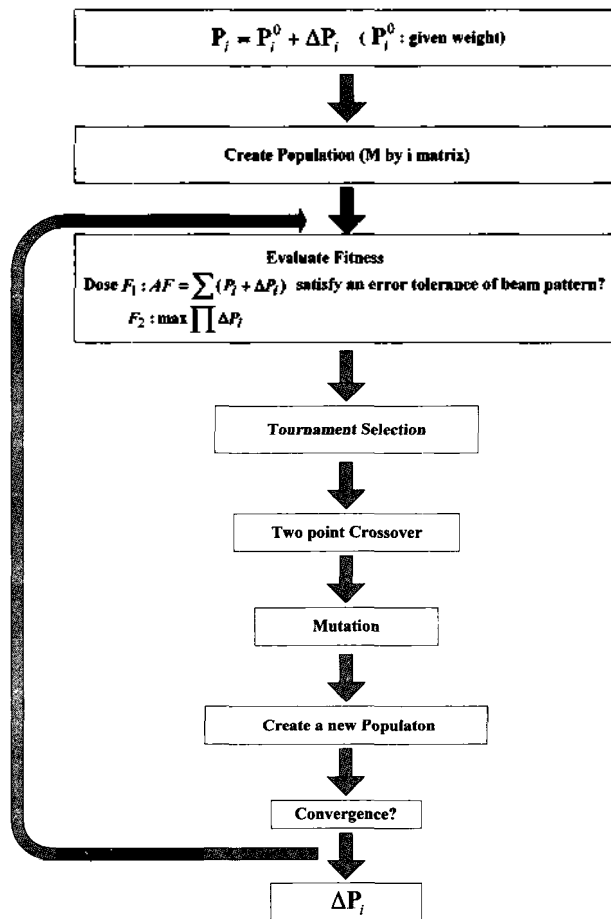


그림 2. 유전자 알고리즘 순서도
Fig. 2. A flowchart of a genetic algorithm.

개체군 생성 (Create population): 본 논문에서 구하고자 하는 개별소자의 허용오차는 8 bit로 구성된 유전자로 코드화하였다. 0과 1을 임의로 8개를 발생시켜 다음과 같이 표현한다.

$$\Delta P_n = 10000100$$

N개의 소자로 배열이 이루어져 있다면 염색체는 다음과 같이 나타내어진다.

$$\text{Chromosome} = \left[\underbrace{1111000010101011}_{\Delta P_1} \dots \underbrace{00001010}_{\Delta P_N} \right]$$

N개의 유전자로 이루어진 염색체 M개가 N x 8 bits의 행과 M bits의 열을 구성함으로써 초기 개체군을 생성한다. N개의 유전자는 소나배열에서 각각의 소자에 대한 오차값을 나타내며, M개의 염색체는 하나의 개체 즉 하나의 소나 배열 소자들의 오차값 전체를 나타낸다.

적합도 함수 (Fitness function): 소나 배열과 유전자 알고리즘의 연결 고리인 적합도 함수는 오차와 배열안테나와의 관계를 고려하여 식 (3), (4)와 같이 두 단계로 정의하였다. 식 (3)의 첫 단계 적합도 함수에서는 오차에 가장 민감하게 반응하는 주빔의 이득과 부엽준위의 증가를 적합도 함수에 적용하였으며, 주빔의 허용 오차는 ±0.5 dB이고 부엽준위의 허용오차는 +5 dB로 설정하였다. 이와 같이 빔패턴의 허용오차값을 미리 설정해 줌으로써 유전자 알고리즘을 이용하여 임의의 허용 범 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 일반 통계학적으로 사용하는 95%의 만족도를 나타내는 범위를 최대 오차 조합 범위로 설정하였다.

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

$$\theta_0 : (\text{주빔의 방향}) \quad (1)$$

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

$$\theta_s : (\text{부엽의 위치}) \quad (2)$$

$$f_1 = \frac{n\{|AF(\theta_0) - AF_{desired}(\theta_0)| < 0.5\} \cap \{AF(\theta_s) - AF_{desired}(\theta_s) < 5\}}{\text{Total number of sample}} \geq 0.95 \quad (3)$$

$$F_2 = \max \prod_{i=1}^N \Delta p_i \quad (4)$$

본 연구에서는 두 개의 적합도 함수 F_1 과 F_2 를 사용하

였다. 식 (3)과 (4)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 K개의 개체를 임의로 선택하여 가장 높은 적합도를 갖는 개체가 부모 1이 된다. 이와 같은 선택 방법을 토너먼트 선택 (tournament selection)이라 한다. 이 방법으로 부모 (parent) 1과 부모 2를 만든다.

교배 (Crossover): 선택되어진 부모 1과 2는 교배확률에 따라 새로운 형질을 나타내는 자식 (child)을 생성하거나 아님 부모의 형질이 그대로 복사되어진 자식을 형성한다. 본 연구에서는 교배확률을 많은 분야에서 보편적으로 사용하고 있는 확률인 0.6으로 설정하였고 두 지점에서 교차가 일어나도록 하였다. 즉 교배가 일어날 확률은 0.6이고, 그대로 복제되어질 확률은 0.4이다.

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 0.55로 크게 설정하여 세대를 거듭함에 따라 점차적으로 줄어들어 0.03이 되도록 하였다. 초기 돌연변이 확률을 크게 하는 것이 기존의 0.01~0.1의 확률로 작게 설정하는 것보다 수렴 속도면에서 더 우수하다[8].

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

III. 모의실험 및 결과

유전자 알고리즘을 이용하여 10개 소자로 이루어진 선형 배열 안테나의 허용오차와 37개 소자로 이루어진 평면 배열 안테나의 허용오차를 규정하였다. 각 배열 안테나의 소자들은 등 간격으로 떨어져 있고 소자들간의 상호 결합은 고려하지 않았다.

3.1. 10개 소자의 선형 배열 안테나

그림 3은 10개 소자의 선형 배열을 나타낸 것이다. 1차원 배열 안테나의 빔 패턴을 나타내는 식은 다음과 같다.

$$AF(\theta) = \sum_{n=1}^N I_n e^{j(nk_0 d \cos\theta)} \quad (5)$$

I_n : n번째 소자의 전류크기

k_0 : $\frac{2\pi}{\lambda}$

d : $\frac{\lambda}{2}$ 간격으로 배열

식 (5)에 진폭오차 δ_n 과 위상오차 ϕ_n 이 인가된 식은 식 (6)과 같다. 그림 4는 진폭오차만을 고려하여 유전자 알고리즘과 Monte-Carlo 방법으로 구한 진폭오차 허용 범위로 그림 5는 각각의 방법을 이용하여 위상오차만을 고려하여 구한 위상오차 허용 범위이다.

$$AF(\theta) = \sum_{n=1}^N I_n (1 + \delta_n) e^{j\phi_n} e^{j(nk_0 d \cos\theta)} \quad (6)$$

그림 4와 그림 5의 결과는 각 소자의 가중치가 크면 각 소자의 오차가 빔 패턴에 미치는 영향이 크기 때문에

허용오차의 범위도 가중치가 큰 것에 비해 적은 가중치를 가진 소자들의 허용오차 범위가 더 크게 나타난 것을 보여준다.

Monte Carlo 방법으로 구한 오차 허용 범위는 각 소자가 빔패턴에 미치는 영향에 따라 그에 상응하는 비율로 오차의 범위를 선택하는 즉, 제한된 범위 내에서 분석하는 반면[5] 유전자 알고리즘은 오차의 범위를 선택함에 있어 무작위로 선택한다. 값을 탐색하는 범위의 자유도의 차이와 허용오차를 구하는 기준이 틀리기 때문에 그림 4와 그림 5에서 보이는 바와 같이 값의 차이를 보이고 있다. 유전자 알고리즘과 Monte-Carlo 방법의 차이점은 Monte Carlo 방법으로 구한 허용오차가 유전자 알고리즘으로 구한 결과보다 상대적으로 소자들에 대해서 균일한 허용오차를 나타내고 있다. 유전자 알고리즘에서는 적합도 함수를 어떻게 설정하느냐에 따라 허용오차 분포 또한 조절할 수 있다. 본 논문에서는 최대 허용오차들의 값을 최대로 하는 기준을 적합도 함수에 적용하였기 때문에 그림 4와 그림 5의 결과값이 나왔다. 유전자 알고리즘은 허용오차들의 값을 최대로 하는 허용오차를 선택했고 Monte Carlo 방법은 각 소자의 변화량에 따른 통과율의 통계분포로 결정했다. 유전자 알고리즘으로 구한 허용오차와 Monte Carlo 방법으로 구한 허용오차를 검증한 결

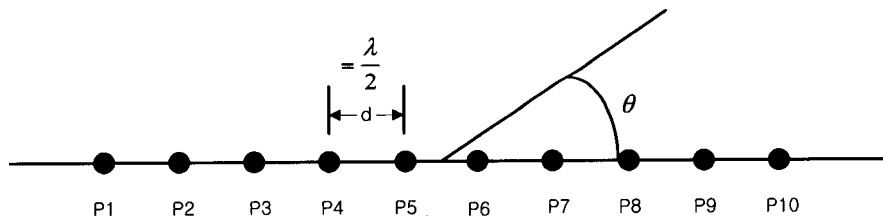


그림 3. 등 간격으로 놓인 10개 소자의 선형 배열 그림
Fig. 3. A diagram of uniformly spaced linear 10 element array.

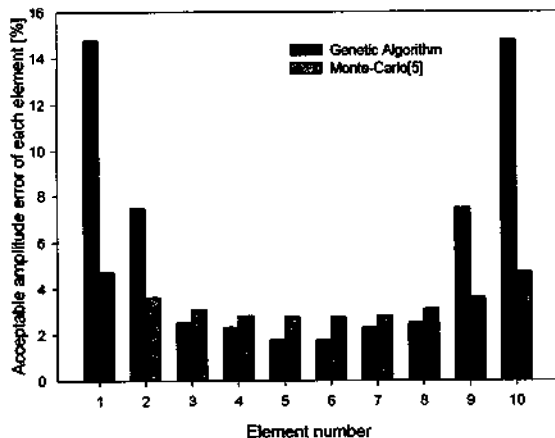


그림 4. 각 소자의 진폭 상대 허용오차
Fig. 4. Acceptable amplitude error of each element.

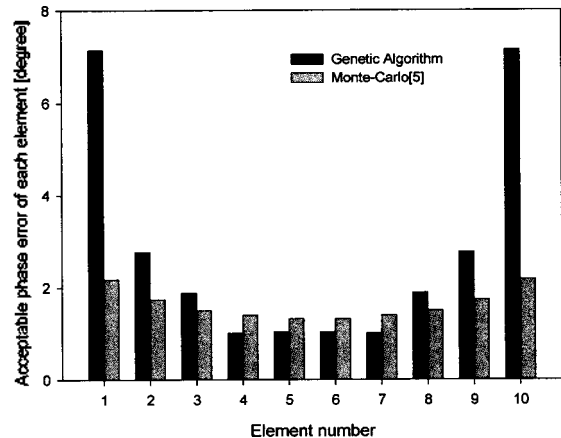


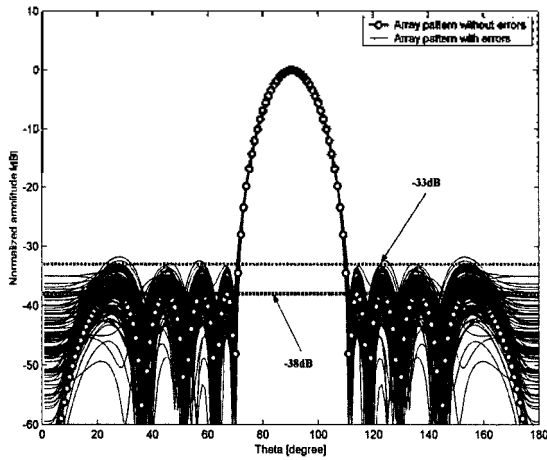
그림 5. 각 소자의 위상 허용오차
Fig. 5. Acceptable phase error of each element.

과, 유전자 알고리즘은 94.4%를 나타내었고 Monte Carlo 방법은 96.9%를 나타내었다. 그러므로 유전자 알고리즘은 허용오차들의 곱을 최대로 하는 기준에는 더 적합한 해이다. 위에서 구한 허용오차가 허용 빔 패턴을 만족하는지에 대한 검증으로 수치적인 결과를 나타낸 것이 그림 6이다. 그림 6은 구한 허용 오차 범위 안에서 200개의 랜덤 샘플링 조합을 발생시킨 것이다. 200개의 랜덤 샘플링 조합을 100번 테스트하여 허용 빔 패턴을 만족하는

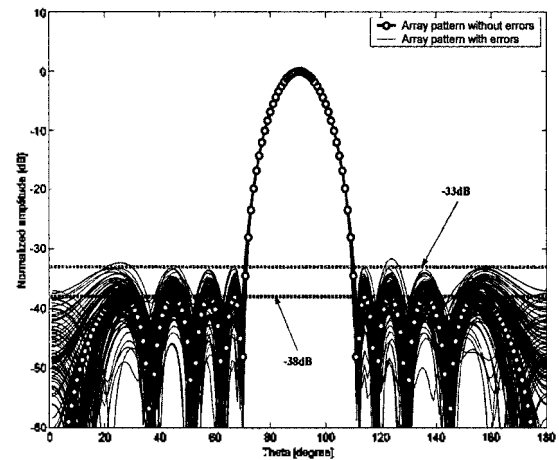
랜덤 샘플링 조합 개수의 평균을 계산하였다. 본 논문의 적합도 함수에서 요구한 95%에 근사한 값인 94.4%를 나타내는 것을 확인하면서 유전자 알고리즘으로 구한 허용오차가 최적해임을 입증했다.

3.2. 37개 소자의 평면 배열 안테나

그림 7은 37개 소자의 평면 배열을 나타낸 것이다. 2차원 배열 안테나의 빔 패턴을 나타내는 식은 식 (5)이고 진



(a) 95% 허용확률을 갖는 진폭오차가 실린 빔 패턴
(a) Array pattern with obtained acceptable amplitude error (95% probability)



(b) 95% 허용확률을 갖는 위상오차가 실린 빔 패턴
(a) Array pattern with obtained acceptable phase error (95% probability)

그림 6. 10개 선형 배열에서 오차가 실린 빔 패턴
Fig. 6. Array pattern of a 10 element linear array with errors.

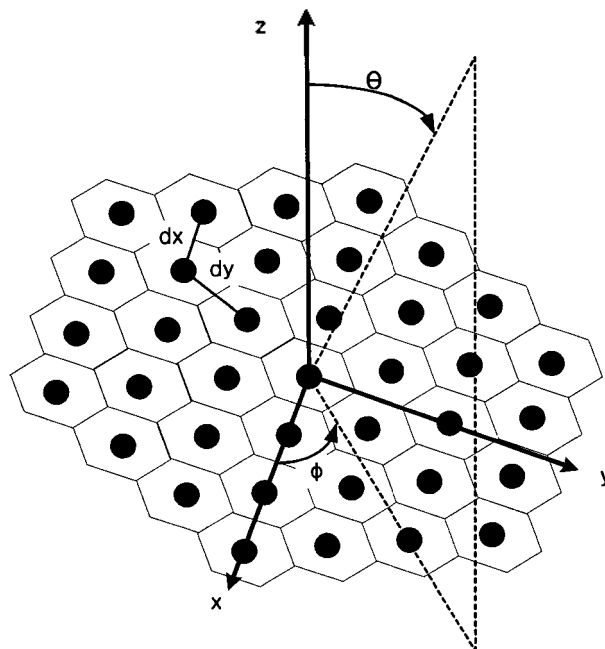


그림 7. 등 간격으로 놓인 37개 소자의 평면 배열 그림
Fig. 7. A diagram of uniformly spaced planar 37 element array.

폭오차 δ_n 과 위상오차 ϕ_n 이 인가된 식은 식 (6)과 같다.

$$f(\theta, \phi) = \sum_n \sum_m I_{mn} e^{jk_0(m'd_x \mu + nd_y \gamma)} \quad (7)$$

$$\mu = (\sin \theta \cos \phi - \sin \theta_0 \cos \phi_0), \quad \gamma = (\sin \theta \sin \phi - \sin \theta_0 \sin \phi_0)$$

$$k_0 : \frac{2\pi}{\lambda}$$

$$m' = m, \text{ (n이 짝수일 때)}$$

$$m + 1/2, \text{ (n이 홀수일 때)}$$

$$d_x = d_y = d : \frac{\lambda}{2} \text{ 간격으로 배열}$$

$$f(\theta, \phi) = \sum_n \sum_m I_{mn} (1 + \delta_{mn}) e^{j\phi_{mn}} e^{jk_0(m'd_x \mu + nd_y \gamma)} \quad (8)$$

그림 8과 그림 9는 진폭오차와 위상오차를 따로따로 고려하여 유전자 알고리즘으로 구한 허용 오차 범위들이다. 그림 10은 진폭오차와 위상오차를 동시에 고려하여 구한 허용 오차 범위들이고 그 허용 오차 범위 안에서 200개의 랜덤 샘플링 조합을 발생시켜 빔 패턴을 그릴 것이다. 2차원에서도 1차원에서와 같이 최적해임을 입증하기 위해 200개의 랜덤 샘플링 조합을 100번 테스트하여 허용 빔 패턴을 만족하는 랜덤 샘플링 조합 개수의 평균을 계산하였다. 평균이 95%에 근사한 값인 94.7%인 것을 확

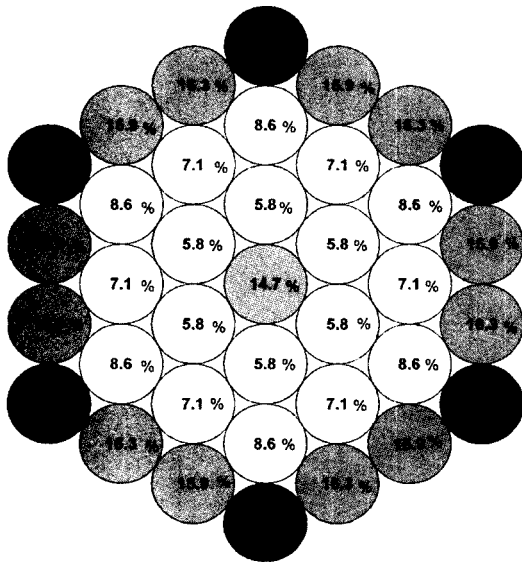


그림 8. 각 소자의 진폭 상대 허용오차
Fig. 8. Acceptable amplitude error of each element.

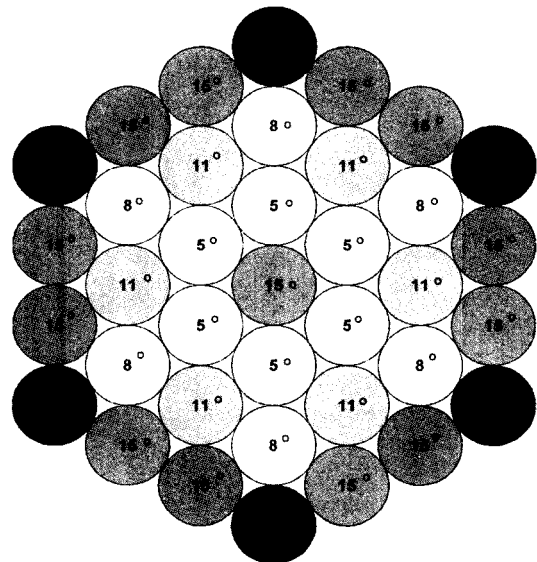
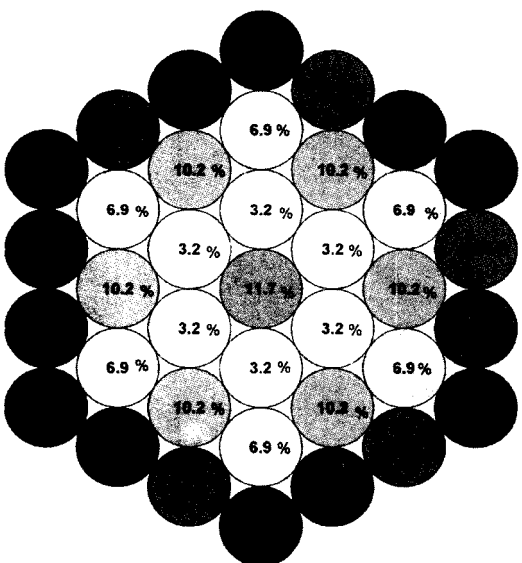
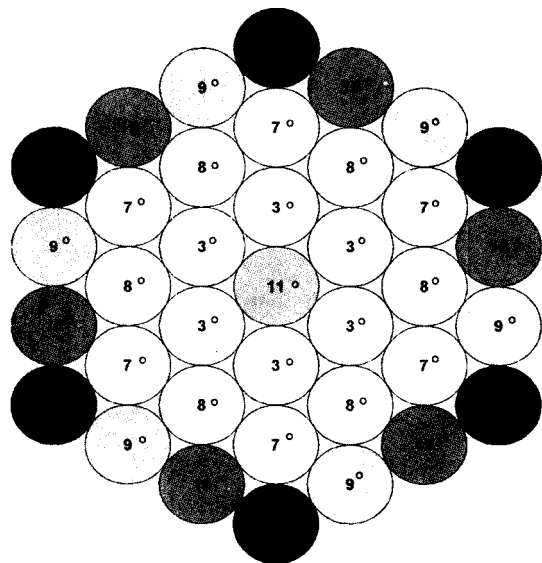


그림 9. 각 소자의 위상 상대 허용오차
Fig. 9. Acceptable phase error of each element.



(a) 진폭오차
(a) Acceptable amplitude error of each element



(b) 위상오차
(b) Acceptable phase error of each element

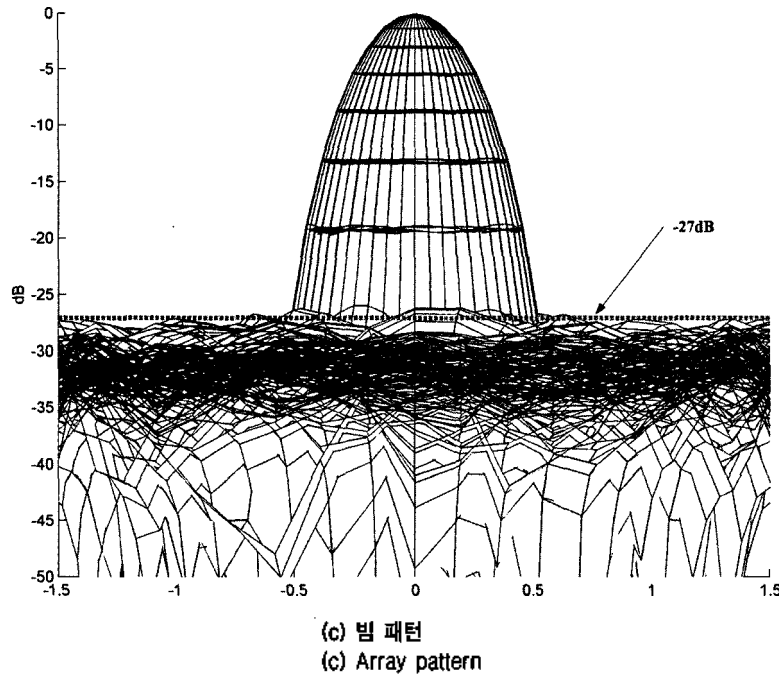


그림 10. 진폭오차와 위상오차를 동시 고려했을 때의 진폭오차 및 위상오차와 빔 패턴
 Fig. 10. Acceptable amplitude and phase error of each element and array pattern with both amplitude and phase error considered.

인 하면서 유전자 알고리즘이 허용오차를 분석하는 합당한 방법임을 입증할 수 있었다.

IV. 결론 및 향후 연구 과제

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 주어진 빔 패턴 허용조건을 만족하는 오차범위를 분석하였다. 제안된 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 모의 실험을 통해 확인하였다. 또한 개별소자 허용오차를 부가적으로 고려하여 배열 패턴합성을 하면 최대 허용오차를 갖는 최적의 배열 패턴 합성 구할 수 있으며, 이에 대한 연구가 현재 진행 중이다.

감사의 글

본 연구는 수중음향특화센터 (UARC02-31) 지원을 받아 수행한 것입니다.

참고 문헌

1. J. Ruze, "The effect of aperture errors on the antenna radiation pattern," *Nuovo Cimento (Suppl.)*, 9 (3), 364-380, 1952.
2. E. N. Gilbert and S. P. Morgan, "Optimum design of directive antenna arrays subject to random variations," *Bell Syst. Tech. J.*, 34, 637-663, 1955.
3. R. E. Elliot, "Mechanical and electrical tolerance for two-dimensional scanning antenna arrays," *IEEE Trans. Antennas and Propagat.*, AP-6, 114-120, 1958.
4. J. K. Hsiao, "Normalized relationship among errors and sidelobe levels," *Radio Science*, 19, 292-302, 1958.
5. 이용범, 이준영, 김형동, "Monte-Carlo 방법에 의한 소나 배열 소자의 허용오차 규정," *한국음향학회지*, 21 (3), 221-229, 2002.
6. 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.
7. R. J. Mailloux, *Phased Array Antenna Handbook*, Artech House, 1996.
8. 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.
9. 왕성식, 개별진동체 특성 허용오차 예측, 공학 석사 학위 논문, 한양대학교, 1999.
10. 신근희, 통계적 방법에 의한 평면 배열 안테나 소자의 특성 허용오차 규정, 공학 석사 학위 논문, 한양대학교, 2000.
11. 최철민, 이용범, 김형동, "Monte-Carlo simulation과 deterministic simulation의 합성적 방법에 의한 배열소자 가중치에 따른

오차의 규정," 한국음향학회 추계학술발표대회 논문집, 333-336, 2000.

12. 이동범, 이준영, 김형동, "Monte-Carlo 방법에 의한 소나배열 소자의 허용오차 규정," 수중음향학 학술 발표대회 논문집, 74-79, 2001.

저자 약력

● 양 수 화 (Su-Hwa Yang)

2001년 2월: 전북대학교 전자공학과 (공학사)

2002년 2월~현재: 한양대학교 전자통신전자공학과 석사과정

* 주관심분야: 배열안테나 및 마이크로파 회로 설계, 전자파 수치해석

● 김 형 동 (Hyeong-Dong Kim)

1984년 2월: 서울대학교 전자공학과 (공학사)

1986년 2월: 서울대학교 전자공학과 (공학석사)

1992년 5월: The University of Texas at Austin (Ph. D.) 안테나 및 마이크로파공학 전공

1989년 5월~1992년 5월: Microwave Research Lab., Dept. of Electrical and Computer Eng., The University of Texas at Austin :Research Assistant

1992년 6월~1993년 1월: Microwave Research Lab., Dept. of Electrical and Computer Eng., The University of Texas at Austin :Postdoctoral Fellow

1993년 3월~1996년 2월: 한양대학교 전자공학과 전임강사

1996년 3월~2001년 2월: 한양대학교 전자공학과 조교수

2001년 3월~현재: 한양대학교 전자전기공학부 부교수

* 주관심분야: 이동통신용 안테나, 마이크로파 회로, 초음파 공학 전자파 수치해석, 웨이브릿 변환의 수치해석 응용, EMI/EMC 해석