

Optimierung von Gruppenantennen mit Hilfe von genetischen Algorithmen

Dipl.-Ing. Hubert Schönenberger und Prof. Dr.-Ing. Klaus Kark
Institut für Nachrichtentechnik der Fachhochschule Ravensburg-Weingarten
Postfach 1261, D-88241 Weingarten, E-mail: kark@fbe.fh-weingarten.de

1. Einleitung

In vielen Gebieten aus Technik und Wirtschaft treten Optimierungsprobleme folgender Art auf. Ein Vorgang oder eine Funktion $F(p_1, p_2, p_3, \dots, p_N)$ hängt von einem oder mehreren Eingabeparametern $p_1, p_2, p_3, \dots, p_N$ ab. Je nach Wahl dieser Eingangsgrößen ist das Ergebnis des meist komplexen Problems mehr oder weniger den Wünschen entsprechend. Bildlich läßt sich dieser Sachverhalt mit einer Qualitätsdichteverteilung in einem mehrdimensionalen Raum darstellen, dessen Dimensionen durch den zu bestimmenden Eingabevektor $\vec{P} = (p_1, p_2, p_3, \dots, p_N)$ festgelegt sind. Ziel ist es nun, in diesem Parameterraum den Ort zu finden, wo die Qualitätsdichte maximal bzw. minimal ist, d.h. den Lösungsvektor \vec{P} so zu bestimmen, daß der zu optimierende Vorgang oder die Funktion ein gewünschtes Resultat vorweist. In einfachen Fällen läßt sich das Phänomen durch eine mathematische Gleichung darstellen und die Lösung daraus direkt errechnen. Oft sind jedoch die Vorgänge mathematisch zu komplex für eine deterministische Lösung. Des weiteren weisen viele Vorgänge in Naturwissenschaft, Technik oder Wirtschaft ein nicht-stetiges, geschweige denn ein differenzierbares Verhalten auf, was eine Lösungsermittlung auf direktem Wege nahezu ausschließt. In solchen Fällen können häufig noch genetische Algorithmen weiter helfen [1,3].

2. Das Optimierungsproblem

Es wird in **Bild 1** eine lineare Gruppe aus n Antennen mit gleicher Einzelcharakteristik C_E betrachtet, die entlang der x -Achse eines kartesischen Koordinatensystems aufgereiht sind. Für diese Anordnung soll in der x - y -

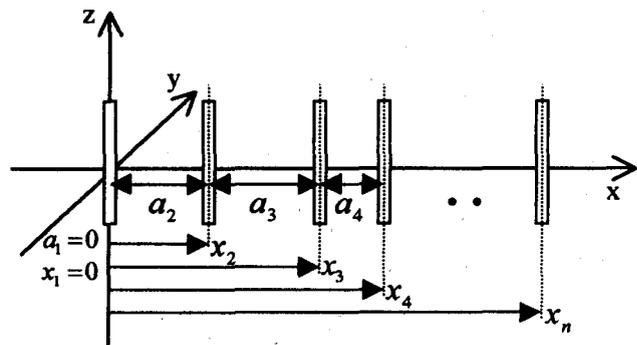


Bild 1 Anordnung der Antennengruppe

Ebene ($\vartheta = \pi/2$) die Gruppencharakteristik $C_{Gr}^H(\varphi)$ im Fernfeld unter Vernachlässigung der Strahlungskopplung dargestellt werden. Nach dem Prinzip der ungestörten Superposition der Strahlungsfelder der Einzelantennen läßt sich die Gesamtcharakteristik der Anordnung aus dem Produkt der Einzelcharakteristik und der Gruppencharakteristik berechnen: $C_{ges} = C_E \cdot C_{Gr}$, wobei die Gruppencharakteristik C_{Gr} aus dem normierten Gruppenfaktor \underline{F}_{Gr} hervorgeht. Im Horizontalschnitt gilt:

$$C_{Gr}^H(\varphi) = \frac{F_{Gr}^H(\varphi)}{\left| F_{Gr}^H(\varphi) \right|_{\max}} \quad \text{mit} \quad (1)$$

$$\underline{F}_{Gr}^H(\varphi) = \sum_{i=1}^n I_i \cdot e^{j\delta_i} \cdot e^{jk_0 x_i \cos \varphi}$$

Für die Synthese von gewünschten Richtdiagrammen gilt es nun, Beträge I_i und Phasen δ_i der Speiseströme sowie den Ort x_i eines jeden Strahlers zu bestimmen. Nur für wenige Spezialfälle lassen sich die $N = 3 \cdot n$ notwendigen Parameter auf deterministischem Wege ermitteln. Im allgemeinen ist man auf numerische Optimierungsverfahren angewiesen. Da konventionelle Verfahren in Bezug auf Robustheit (die Fähigkeit auf das global

beste Ergebnis zu konvergieren) nur eingeschränkte Fähigkeiten vorweisen, wurde eine innovative genetische Entwicklung realisiert [5]. Genetische Algorithmen (GA) konvergieren i.a. langsamer als analytische (z.B. Gradientenverfahren), garantieren jedoch durch ihren außergewöhnlichen Prozeßablauf aus Kombinatorik und rein probabilistischen Übergangsfunktionen die notwendige Robustheit, die für die Lösung eines anspruchsvollen Problems wie der Richtdiagrammsynthese notwendig ist. Mit Hilfe von MATLAB® 5.1 wurde daher ein allgemeiner GA entwickelt, der fähig ist, Optimierungsaufgaben aller Art aus Wirtschaft und Naturwissenschaft zu lösen. Durch Programmierung eines Pre- und Postprozessors *ArrayManager* wird dieser Algorithmus dann speziell auf das Gruppencharakteristik-Design zur Dimensionierung und Optimierung der Speisestrom- und Geometrieparameter angewandt. Im wesentlichen unterscheiden sich Genetische Algorithmen von herkömmlichen Optimierungsverfahren in 3 Punkten:

- GA codieren die tatsächlichen Optimierungsgrößen in binäre Strings und verwenden lediglich diese zur weiteren Optimierung. Es findet eine völlige Abstraktion des Optimierungsprozesses vom eigentlichen Optimierungsproblem statt. Darin unterscheiden sich GA wesentlich von Evolutionsverfahren [4].
- GA suchen von einer Population von Punkten im Parameterraum aus, nicht von einem einzelnen, wie z.B. beim Gradientenverfahren. Viele verschiedene Parameterkonstellationen werden je nach deren Eigenschaft untereinander genetisch kombiniert und auf diese Weise neue Individuen, d.h.

Konstellationen geschaffen.

- GA verwenden nur probabilistische Übergangsregeln, keine deterministischen. Ein Zufallszahlengenerator ist das Herzstück für die genetische Optimierung.

3. Die genetische Optimierung

3.1 Das Datenformat

Zunächst werden die zu optimierenden Größen als Phänotypvektor \vec{P} definiert, der für den Fall der Gruppenoptimierung folgendermaßen aussieht:

$$\vec{P} = (a_1 \ a_2 \ \dots \ a_n \ I_1 \ I_2 \ \dots \ I_n \ \delta_1 \ \delta_2 \ \dots \ \delta_n)$$

Ein bestimmter Phänotyp repräsentiert somit eine bestimmte Parameterkonstellation, welcher anschließend in einen Binärstring, den sogenannten Genotyp oder Chromosom, codiert wird (Bild 2). Durch das Codierverfahren wird eine eindeutige Beziehung zwischen den zu optimierenden Größen, den Phänotypen und der operierenden Seite, den Genotypen hergestellt. Auf diese Weise wird das Entwicklungsverfahren vom eigentlichen Optimierungsproblem völlig losgelöst. Es läuft somit ein rein kombinatorisches Verfahren ab, welches daher universell für beliebige Optimierungsprobleme geeignet ist.

Für einen genetischen Optimierungsprozeß werden nun eine Vielfalt dieser Chromosomen (einige hundert bis tausend) mit derselben Länge benötigt, welche zu Beginn zufällig erzeugt werden. Die nun folgenden genetischen Operationen, die ausschließlich auf den Genotyp wirken, erzeugen ständig neue Chromosomen, welche durch Decodierung zum Phänotyp und dessen Bewertung in Bezug auf eine Randbedingung durch ein

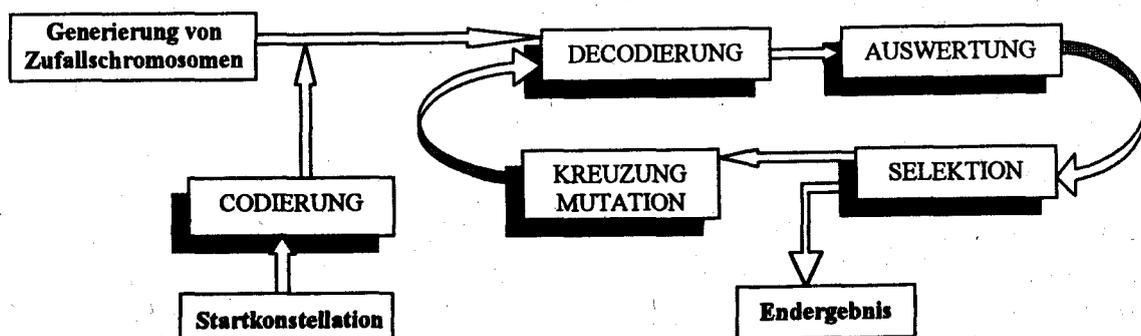


Bild 2 Sequentieller Ablauf der genetischen Optimierung

Tauglichkeitskriterium, eine positiv reelle Zahl V , charakterisiert werden. Dieser Value V entscheidet über die weitere Entwicklung des jeweiligen Chromosoms. Wichtig für den genetischen Entwicklungsprozeß eines jeden Individuums sind somit 2 Faktoren:

- Das **Chromosom**: ein binärer String.
- Der **Tauglichkeitsvalue** in Bezug auf die Randbedingung: eine positiv reelle Zahl.

3.2 Die Codierung und Decodierung

Wichtig für die Codierung bzw. Decodierung ist die Festlegung eines Variationsbereiches, innerhalb dessen ein Parameter p verändert werden darf. Dieser Variationsbereich wird dann je nach Bitauflösung in Quantisierungsschritte unterteilt. So wird eine Codierung eines Wertes p in einen ganzzahligen Dezimalcode d mit folgendem linearen Zusammenhang durchgeführt:

$$d = \text{round} \left[\frac{p - p_{\min}}{p_{\max} - p_{\min}} \cdot (2^b - 1) \right] \quad (2)$$

Die Konstante b steht für die Anzahl der Bits pro Parameter. Der Dezimalwert d wird durch Gray- oder Dualcodierung in einen Binärstring konvertiert, welcher dann zu einem Chromosom aufgereiht wird. Je größer die Auflösung für einen Parameter, d.h. die Bitzahl b , desto kleiner werden die Quantisierungssprünge innerhalb des Variationsbereiches, desto länger werden aber auch die Chromosomen und somit der Entwicklungsprozeß. Reziprok dazu verläuft der Fall der Decodierung eines Genotyps in einen Phänotyp. Die Bits (Gene) eines Chromosoms werden in die jeweiligen Parameter, wie im Phänotyp definiert, unterteilt und in Integerwerte d decodiert (Bild 3), aus denen man wieder nach (2) den Phänotyp p ermittelt.

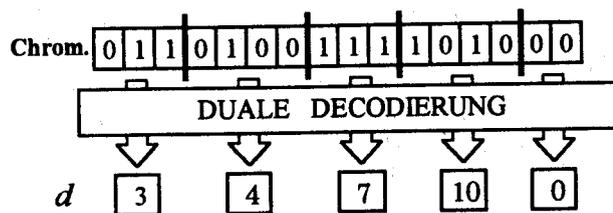


Bild 3 Duale Decodierung

3.3 Die Auswertung

Nachdem die Phänotypen der neugewonnenen Chromosomen decodiert wurden, werden diese in Bezug auf eine Randbedingung (Sollvorgabe) bewertet. Jedem Phänotyp und folglich jedem Genotyp wird ein Tauglichkeitskriterium zugewiesen. Im Falle der Gruppenoptimierung bedeutet dies für jeden Phänotyp die Berechnung der Gruppencharakteristik (1) an m verschiedenen Winkeln φ_m und anschließenden Vergleich mit einem erwünschten Verlauf. Als Randbedingung wurden 3 verschiedene Modelle betrachtet:

3.3.1 Definition eines Kanals innerhalb dessen sich der Funktionsverlauf der Richtcharakteristik befinden soll (Bild 4).

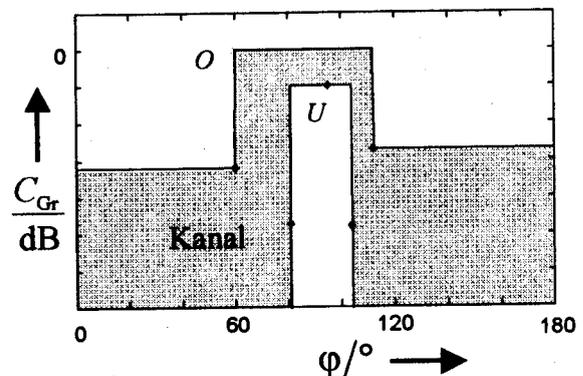


Bild 4 Kanaldesign

Bewertet wird lediglich ein Überschreiten der oberen und unteren Grenzen (O, U), indem diese Funktionswertdifferenzen quadratisch aufsummiert werden.

$$V = \frac{1}{m} \sum_{\varphi_m} \left[(C_{Gr} - O > 0)^2 + (U - C_{Gr} > 0)^2 \right] \quad (3)$$

3.3.2 Vorgabe eines Funktionsverlaufes S , den es anzunähern gilt. Für die Bewertung werden die Fehlerquadrate der Funktionswerte und der 1. Ableitung der Richtcharakteristik relativ zur Sollfunktion S verwendet.

$$V = \frac{1}{m} \sum_{\varphi_m} \left[(C_{Gr} - S)^2 + (C'_{Gr} - S')^2 \right] \quad (4)$$

3.3.3 Design einer Hauptkeule mit Hilfe einer Parabel S und Festlegung der beiden Nebenzipfelpegel O (Bild 5).

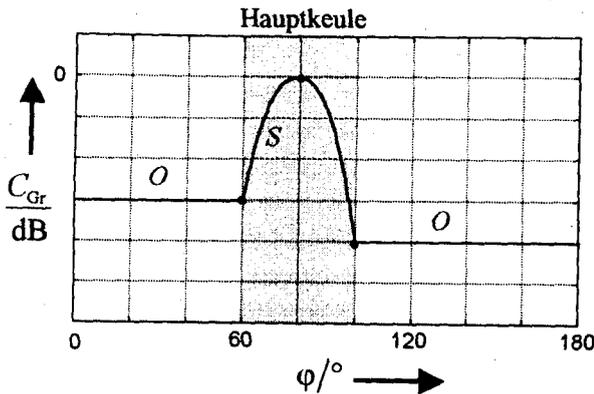


Bild 5 Parabeldesign

Innerhalb der Hauptkeule werden die Abweichungen der l Funktionswerte der erzeugten Richtcharakteristik und ihrer 1. Ableitung von der Sollvorgabe S quadratisch bewertet.

$$V_1 = \frac{1}{l} \cdot \sum_{\varphi_l} \left[(C_{Gr} - S)^2 + (C'_{Gr} - S')^2 \right] \quad (5)$$

Außerhalb wird lediglich ein Überschreiten der Nebenzipfelpegel O durch Summation der quadratischen Differenzen bestraft.

$$V_2 = \frac{1}{m-l} \cdot \sum_{\varphi_{m-l}} (C_{Gr} - O > 0)^2 \quad (6)$$

Der Gesamtwert ergibt sich aus der Summe der Teilwerte: $V = V_1 + V_2$. Das in allen 3 Modellen dem Chromosom zugewiesene Qualitätskriterium V entscheidet,

- ob es die Selektion überlebt und
- wie es sich weiter fortpflanzen kann.

3.4 Die Selektion

Es werden die Chromosomen nach steigenden Tauglichkeitswerten sortiert und die besten selektiert. Der Rest wird vernichtet.

3.5 Die genetischen Operatoren

Mit dem selektierten Bestand an Chromosomen werden nun entweder durch Kreuzung oder Mutation neue Individuen erzeugt. Welche der beiden Operationen durchgeführt wird, entscheidet ein Zufallszahlengenerator. Umfangreiche Studien haben ergeben, daß eine Optimalverteilung bei etwa 70% Rekombination und 30% Mutation liegt.

3.5.1 Die Mutation

Durch Vergleich eines Zufallszahlengenerators mit einer Schwelle s (**Bild 6**), wird für jedes Gen in einer Population entschieden, ob es invertiert werden soll oder nicht.

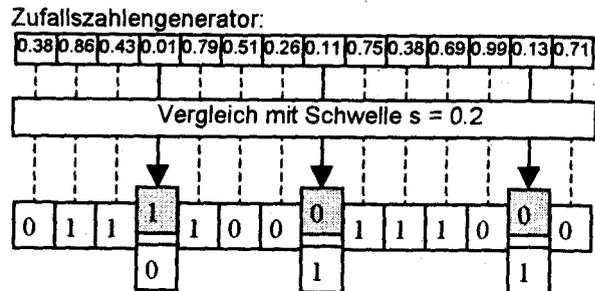


Bild 6 Mutation

Die so neugeschaffenen Chromosomen werden dem bisherigen Bestand angehängt.

3.5.2 Die Kreuzung

Es werden Paare von Chromosomen ausgelost, welche anschließend gekreuzt werden. Ein entscheidender Vorgang bei der Paarbildung ist die Reproduktion eines Chromosoms. Sie verkörpert im wesentlichen das Grundprinzip der Evolution, daß sich Individuen mit einer guten Anpassungsqualität besser durchsetzen und somit andere in der Population im Laufe der Zeit verdrängen. Dies wird in der genetischen Entwicklung dadurch realisiert, daß Chromosomen mit besseren Tauglichkeitswerten V auch mit höherer Wahrscheinlichkeit an einer Paarungsauslösung teilnehmen als jene mit weniger guten Eigenschaften. So wird eine verstärkte Weitergabe von guten Chromosomen an die Nachkommen garantiert.

Veranschaulichen läßt sich dieser Vorgang mit einer Roulettescheibe, deren Umfang je nach Qualitätsverteilung in der Population aufgeteilt wird. Besitzt Chromosom A eine dreifach bessere Qualität als Chromosom B, so wird ihm auch ein dreimal größerer Abschnitt auf der Roulettescheibe zugewiesen. Beim Drehen des Rades besitzt somit Chromosom A eine dreimal größere Wahrscheinlichkeit, daß es gezogen wird. Die so gebil-

deten Paare werden dann gekreuzt. Die Rekombination geschieht, indem mittels eines Zufallszahlengenerators entschieden wird, ob an einer bestimmten Stelle eine Trennstelle gesetzt wird. Die so unterteilten Strings werden dann wechselweise vertauscht (Bild 7). Pro Elternpaar entstehen somit 2 Nachkommen, die auch Offsprings genannt werden. Die Nachkommen ersetzen nun vollständig die Elternchromosomen. Auf diese Weise wird ein Generationswechsel vollzogen.

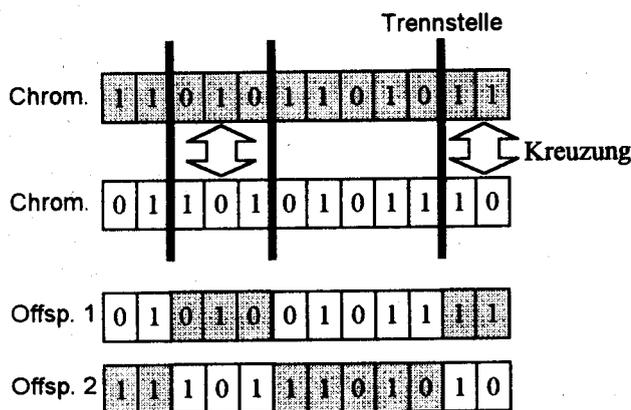


Bild 7 Rekombination

Die andere Alternative, daß die Nachkommen zu den Elternchromosomen hinzugefügt werden, wurde ebenfalls in einem Modus *Inzest* berücksichtigt. Dieser Optimierungsmodus hat die Eigenschaft, daß das beste Chromosom stets erhalten bleibt. Die Qualität der Entwicklung kann sich daher nie verschlechtern. Dadurch erhält man zwar lokal schnelle Verbesserungen, aber die Eigenschaft globaler Konvergenz (Robustheit) geht verloren.

Die auf diese Weise neugeschaffenen Individuen müssen nun wieder mit einem Qualitätskriterium versehen werden, indem die Phänotypen aus den Chromosomen decodiert werden, ihre Gruppencharakteristiken nach (1) errechnet und diese wieder mit den Randbedingungen (3) bis (6) bewertet werden. Nun kann wieder sortiert und selektiert werden, womit sich der Zyklus wiederholt. Nach einigen Generationen kristallisiert sich dann ein Genotyp heraus, der sich in der Population offensichtlich durchgesetzt hat.

4. Der Pre- und Postprozessor

Für die Anwendung des GA auf das oben beschriebene technische Problem einer Gruppenantenne wurde mit Hilfe von MATLAB[®] 5.1 eine graphische Entwicklungsumgebung *ArrayManager* entworfen. Die Synthese einer gewünschten Richtcharakteristik aus einer völlig zufällig gewählten Startpopulation stellte sich als sehr langwierig heraus. Schnellere Konvergenz zu einem Optimum konnte durch Hinzunahme bereits nur einer einzigen determinierten Startlösung erreicht werden. Neben einer bedienerfreundlichen Oberfläche für den genetischen Algorithmus, war somit die sinnvolle Erzeugung einer solchen Startkonstellation durch den Anwender, die es dann genetisch zu optimieren gilt, eine wesentliche Komponente. Die Merkmale des *ArrayManagers* sind:

- Graphische Definition eines zu erzeugenden Richtdiagramms, wahlweise durch einen Kanal, einen parabelförmigen Hauptkeulenverlauf mit linksseitigem und rechtsseitigem maximalen Nebenzipfelpegel oder durch einen beliebigen Verlauf.
- Automatische Ermittlung der notwendigen Strahlerzahl aus der Randbedingung. Sie wird anhand einer linearphasigen, äquidistanten und getaperten Anordnung berechnet und ist von der Hauptkeulenbreite, der Nebenzipfelunterdrückung und dem Schwenkwinkel der Hauptkeule abhängig.
- Berechnung der Bitauflösung für die Codierung der zu optimierenden Parameter. Sie wird so gewählt, daß der durch das Quantisierungsrauschen verursachte Störpegel mindestens 30 dB unterhalb des zulässigen Nebenzipfelniveaus bleibt.
- Vorschlag einer äquidistanten Antennenzeile mit getaperter Belegung und linearem Phasengang als Startnäherung.
- Numerische Eingabe von beliebigen linearen Gruppenantennen.
- Möglichkeit zur manuellen Optimierung.
- Graphische Darstellung aller optimierter Parameter, des optimierten Richtdiagramms, des Konvergenzverlaufs und einer Genkarte.

- Dynamische Analyse des Schwenkverhaltens von phasengesteuerten Antennen durch eine animierte Entwicklungssequenz.
- Möglichkeit einer numerischen Nachoptimierung mit Hilfe des Algorithmus *Constr* aus der MATLAB-Optimization-Toolbox.

5. Numerische Beispiele

5.1 Es wurde ein Korridor mit Halbwertsbreite 20° und Kanalbreite 65° vorgegeben. Die Hauptkeule sollte bei $\varphi = 60^\circ$ und die Nebenzipfel unter -50 dB liegen. Eine genetisch optimierte Lösung aus 11 Einzelstrahlern zeigt **Bild 8**. Die Startpopulation bestand aus 500 zufällig gewählten Chromosomen. Die Optimierung dauerte 1000 Generationen.

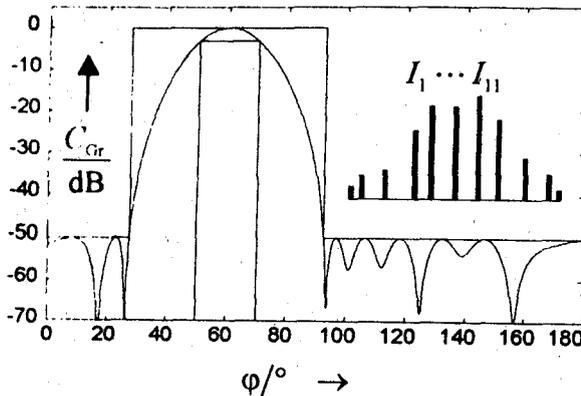


Bild 8 Low-Sidelobe-Antenne mit $V = 0,001$ aus 11 Kugelstrahlern mit $x_{11} = 4,266 \lambda_0$. Strahler 7 hat den größten Speisestrom. Am Rand gilt $I_1 = 0,123 \cdot I_7$ und $I_{11} = 0,103 \cdot I_7$. Der für die Keulenschwenkung notwendige Phasengang δ_i ist ungefähr linear.

5.2 Eine querstrahlende Gruppe mit annähernd rechteckförmiger Hauptkeule (Sektordiagramm) sollte mit 15 Elementen realisiert werden. Aus einer Startnäherung mit $\sin x/x$ Taperung wurde innerhalb einer Population aus 1000 Individuen nach 622 Generationen die Lösung aus **Bild 9** gefunden. Die verbleibenden Abweichungen (ripple) sind kleiner als 1 dB und könnten durch Erhöhung der Strahlerzahl weiter verkleinert werden. Man beachte die Konzentration der Strahler in Gruppenmitte und den alternierenden ähnlichen Verlauf der Speiseströme.

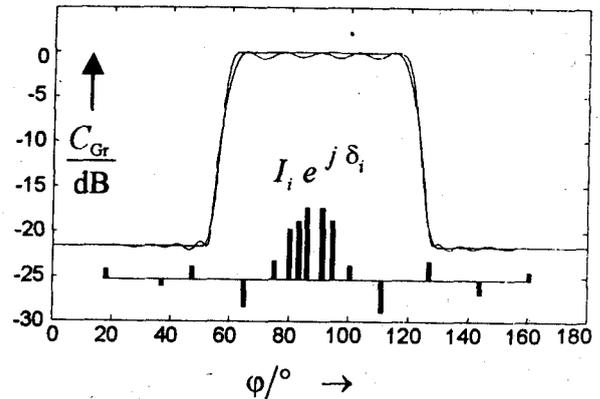


Bild 9 Sektordiagramm mit $V = 0,169$ aus 15 Kugelstrahlern mit $x_{15} = 8,562 \lambda_0$. Alle Phasen sind Null mit Ausnahme der Strahler $i = 2, 4, 12$ und 14 , wo $\delta_i = \pi$ ist.

6. Zusammenfassung und Ausblick

Es wurde ein genetischer Algorithmus erfolgreich auf die Optimierung von linearen Antennengruppen angewandt. Im Prinzip können damit auch zweidimensionale Anordnungen betrachtet werden. Eine Beschränkung ergibt sich nur durch die Leistungsfähigkeit heutiger PCs. Zusätzliche genetische Operatoren wie Inversion, Dominanz, Erzeugung und Vernichtung einzelner Genstrings könnten die Konvergenz der Population weiter beschleunigen. Die Anwendung des Verfahrens auch auf nichttechnische Optimierungen erscheint sehr reizvoll.

7. Referenzen

- [1] Goldberg, D.E.: Genetic Algorithms, Reading MA: Addison-Wesley, 1989.
- [2] Haupt, R.L.: An Introduction to Genetic Algorithms for Electromagnetics. IEEE-AP Magazine [37] 2, April 1995, 7-15.
- [3] Holland, J.H.: Genetische Algorithmen. Spektrum der Wissenschaft, September 1992, 44-51.
- [4] Rechenberg, I.: Evolutionstrategie '94. Stuttgart: Frommann-Holzboog, 1994.
- [5] Schönenberger, H.: Optimierung von Antennenarrays mit Hilfe von genetischen Algorithmen. Diplomarbeit FH Ravensburg-Weingarten, 1997.