

2006年電子情報通信学会総合大会

B-1-205

自動車 FM 受信用アダプティブアンテナ

An Adaptive Antenna for the Mobile FM Radio

鈴木 雄将
Yusuke Suzuki

桑原 義彦
Yoshihiko Kuwahara

静岡大学大学院理工学研究科
Graduate School of Shizuoka University

1. あらまし

アンテナ素子の近傍にパラサイト素子を置き、パラサイト素子に接続される負荷を可変することによって適応指向性を制御するアダプティブアンテナ[1]を、自動車の FM アンテナに適用する。ビーム制御アルゴリズムは CMA を用い、直接探索法[2]で負荷を決定する。1-2 本のパッシブ素子でも干渉性マルチパスを十分除去できることを計算機シミュレーションによって示す。

2. 解析モデル

図 1 に解析モデルを示す。アンテナとパラサイト素子は無限地板上のモノポールを仮定した。アンテナとパラサイト素子間隔は 0.1 波長である。これは 0.05 波長から 0.5 波長まで変化させた時もっとも干渉能力が高くなる値である。自動車用 FM アンテナでは 30-40cm となり、十分実装可能な値である。

CMA の評価関数 Q は

$$Q(\bar{X}) = E \left[\left| y(t) \right|^p - \sigma^p \right]^q \quad (1)$$

である。 $\bar{X} = [x_1 x_2]$ はパラサイト素子に接続される負荷、 $y(t)$ はアンテナ出力である。

$$y(t) = [(U + YZ)^{-1} y_0]^T AS(t) \quad (2)$$

U は単位行列、 Y は開口のアドミタンス行列、 $Z = \text{diag}(\bar{X})$ 、 y_0 は Y の第 1 列のベクトル、 $A = [a(\phi_1) \dots a(\phi_D)]$ は方向行列で $a(\phi_d)$ は第 d 波のステアリングベクトル、 $S(t) = [s_1(t) \dots s_D(t)]^T$ は信号ベクトル、 σ は所望の包絡線値である。 Y は NEC2 によるモーメント法で求めた。 p, q は正の整数で、本検討では $p=q=2$ とした。フェージングを考慮し、 σ は短区間平均値を用いた。評価関数 Q を最小化する \bar{X} を直接探索法で求める。

3. シミュレーション

入射信号を等振幅の MSK 信号(FM 多重 VICS を想定)とし、開口のボアサイト方向から入射すると仮定する。第 1 波を水平面の到来方向を 0° に固定する。第 1 波の到来時間を 1 シンボルずらして干渉性のマルチパス波を生成し、到来方向を水平面 360° で 10° ステップづつずらす。振幅は同一とする。次に第 1 波を 10° とし、マルチパス波の到来方向を 20° から 350° まで 10° づつずらし、 ${}_{36}C_2=630$ 通りの組み合わせで干渉除去能力を評価する。短区間平均に用いたシンボル数は 10 である。直接探索法の繰り返し数は最大 30、mesh の拡大・縮小は 1.4 の倍数で行う[2]。

図 2 は収束パターンの一例である。ここで第 1 波とマルチパス波の到来方向はそれぞれ $0^\circ, 180^\circ$ で、いずれも所望波、干渉波に成りえる。図 3 は $\text{SNR}=30\text{dB}$ としたときの期待で

きる SINR の確率である。パラサイト素子数 1 で 60%, 2 で 82% の確率で $\text{SINR}>10\text{dB}$ が期待できる。

4. まとめ

自動車 FM 受信用アダプティブアンテナの構成と適応指向性形成アルゴリズムを提案した。わずか 1-2 のパラサイト素子でも高い干渉除去能力が期待できる。直接探索の繰り返し数も 20 以下で収束が早い。アンテナ素子出力を分岐すれば従来の FM 受信機のアンテナ出力に直接接続することもできる。また、アンテナをヘリカルや逆 F 型アンテナとし、ビーム制御アルゴリズムに MMSE を用いれば、携帯電話にも適用できと考えられる。

文献

[1] R.Dinger Reactive, Steered Adaptive Array using Microstrip Patch Elements at 4GHz., IEER Trans. AP32(8), pp848-856, 1984.

[2] 桑原義彦、直接探索法による ESPAR アンテナのウェイト制御、信学論 B(in press).

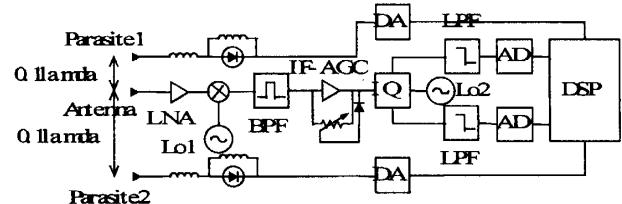
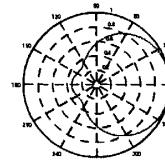
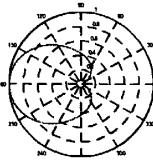


図 1 解析モデル



パラサイト素子 1



パラサイト素子 2

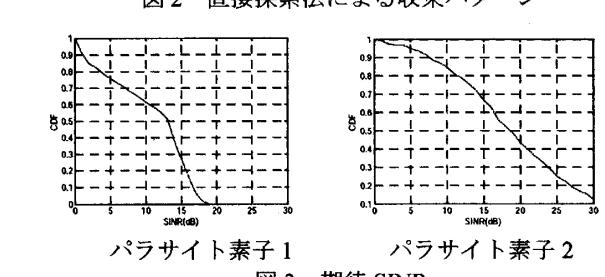


図 3 期待 SINR