



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 103888392 A

(43) 申请公布日 2014. 06. 25

(21) 申请号 201410126218. 1

(22) 申请日 2014. 03. 31

(71) 申请人 南京信息工程大学  
地址 210044 江苏省南京市宁六路 219 号

(72) 发明人 郭业才 张冰龙 王惠 黄友锐

(74) 专利代理机构 南京众联专利代理有限公司  
32206  
代理人 顾进 叶涓涓

(51) Int. Cl.  
H04L 25/03 (2006. 01)  
G06N 3/12 (2006. 01)

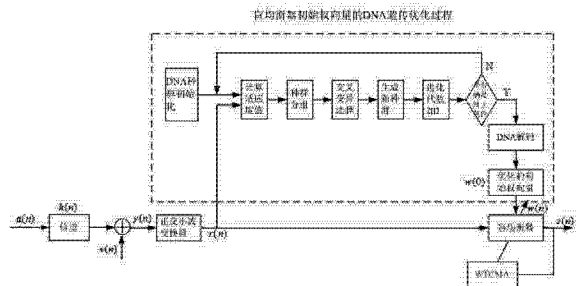
权利要求书3页 说明书8页 附图3页

(54) 发明名称

一种基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法

(57) 摘要

本发明将 DNA 遗传算法与正交小波常数模盲均衡方法 (WTCMA) 相结合, 充分利用 WT-CMA 和 DNA 遗传算法的优点, 公开了一种基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法 (DNA-GA-WTCMA)。本发明采用基于 DNA 核苷酸链的编码方式表示盲均衡方法的权向量、对编码后的 DNA 链采用交叉操作和变异操作来寻找 DNA 种群中的最优个体, 对最优个体解码后作为盲均衡器最优初始权向量, 克服了 WTCMA 收敛速度慢、均方误差大、易于陷入局部极小值的缺点。与 WTCMA 和基于遗传优化的正交小波变换盲均衡方法 (GA-WTCMA) 相比, 本发明具有收敛速度最快、均方误差最小和全局最优的性能, 在通信技术领域有很强的实用价值。



1. 一种基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法,其特征在于,包括如下步骤:

步骤 1,发射信号  $a(n)$  经过脉冲响应信道  $h(n)$  后加入信道噪声  $v(n)$ ,得到正交小波变换器输入信号  $y(n)$ :  $y(n) = a(n)h(n)+v(n)$ ;其中,  $n$  为正整数且表示时间序列,下同;

步骤 2,将步骤 1 所述的正交小波变换器输入信号  $y(n)$  送入正交小波变换器进行正交小波变换,得正交小波变换器输出信号  $r(n)$ :  $r(n) = Vy(n)$ ;其中,  $V$  为正交小波变换矩阵;

步骤 3,将步骤 2 所述的正交小波变换器输出信号  $r(n)$  作为盲均衡器输入信号,得到盲均衡器输出信号  $z(n)$ :  $z(n) = w^H(n)r(n)$ ;其中,  $w(n)$  为盲均衡器的权向量,上标  $H$  表示共轭转置;

步骤 4,将步骤 2 所述的正交小波变换器输出信号  $r(n)$  作为 DNA 遗传算法的输入信号,由 DNA 遗传算法优化盲均衡方法的初始权向量  $w(0)$ ;

其中,所述由 DNA 遗传算法优化盲均衡方法的初始权向量  $w(0)$  过程包括如下步骤:

步骤 4-1,设置初始种群并进行 DNA 编码

设 DNA 遗传算法的初始种群  $\text{Chrom} = [w_1, w_2, \dots, w_m]$ ,其中  $w_m$  对应于正交小波常模盲均衡方法 WTCMA 的第  $m$  个权向量,  $1 \leq m \leq M$ ,  $M$  为种群规模中个体数量;采用四种碱基对盲均衡器权向量  $w_m$  进行编码;

步骤 4-2,确定适应度函数

将与正交小波盲均衡方法 WTCMA 权向量  $w_m$  对应的代价函数定义为

$$J(w_m) = \frac{\sum_{i=1}^N (R - |z_m(i)|)^2}{N}$$

式中,  $N$  为接收信号序列的长度,取正整数;  $z_m(i)$  为与盲均衡器第  $m$  个权向量对应的输出信号;定义为 DNA 遗传算法的适应度函数为  $J(w_m)$  的倒数,即

$$F(w_m) = \frac{b}{J(w_m)}$$

式中,  $b$  表示比例系数;代价函数  $J(w_m)$  的全局最小值,也就是适应度函数最大值对应的个体就是要求的最优个体;

步骤 4-3,对种群分组

将正交小波变换器输出信号作为 DNA 遗传算法的输入信号,将种群中每个个体解码后的值代入到适应度函数中,计算种群中每个个体的适应度函数值;按个体适应度值大小对所有个体进行排序,将前一半  $M/2$  个体作为优质种群,将后一半  $M/2$  个体作为劣质种群;将优质种群中适应度值最大的个体作为当前种群中的最优个体,并作为精英个体保留;

步骤 4-4,优质种群的交叉操作

在优质种群中随机选取用于操作的父体执行交叉操作,对被选中的父体分别执行置换交叉操作和转位交叉操作,执行置换交叉操作和转位交叉操作的概率分别为  $p_1$  和  $p_2$ ;若被选中的父体均未执行置换交叉和转位交叉操作,则按重构交叉概率  $p_3$  执行重构交叉操作;重复以上交叉操作直到产生  $M/2$  个新个体,然后将这  $M/2$  个新个体放入到优质种群和劣质种群中,得到具有  $3M/2$  个个体的混合种群;

步骤 4-5,混合种群的变异操作与联赛选择操作

对由优质种群进行交叉操作后得到的具有  $3M/2$  个个体的混合种群执行变异操作,变

异操作采用自适应动态变异,用变异后的个体取代原个体,变异操作完成后,重复执行 M-1 次联赛选择操作,挑选出 M-1 个个体,与精英个体一起组成种群规模为 M 的新种群,种群进化代数加 1;

步骤 4-6,判断是否达到进化终止条件

设置最大进化代数为  $g_{\max}$  且为正整数,如果进化次数达到最大进化代数,则将种群中适应度值最大的个体作为最优个体输出,并将其解码,解码后的值作为均衡器的初始优化权向量;否则,返回步骤 4-3;

步骤 5,由步骤 4 获得初始优化权向量  $w(0)$  后,对盲均衡器的权向量  $w(n)$  进行更新,更新公式为:

$$w(n+1) = w(n) + \mu \hat{R}^{-1}(n) r(n) e^*(n) z^*(n)。$$

2. 根据权利要求 1 所述的基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法,其特征在于:所述步骤 4-1 中的四种 DNA 碱基采用四个数字形成的组合来表示,所述四个数字满足互补碱基对之间的配对规律。

3. 根据权利要求 2 所述的基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法,其特征在于:采用“0、1、2、3”这四个数字的任意一种组合来表示四种 DNA 碱基。

4. 根据权利要求 3 所述的基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法,其特征在于:采用数字序列 0123 对应字母序列 CGAT,且 0 与 1 互补配对,2 与 3 互补配对。

5. 根据权利要求 1~4 中任意一项所述的基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法,其特征在于:所述步骤 4-3 中的解码操作包括如下步骤:

步骤 4-3-1,将 DNA 种群每个个体解码为一个  $M_f$  维的十进制向量  $[f_1(0), f_2(0), \dots, f_{M_f}(0)]$ ,其中  $M_f$  为盲均衡器权长,  $f_i(0) = \sum_{j=1}^l B(j) \times 4^{l-j}$ ,1 表示盲均衡器权向量中的每一个抽头系数用 DNA 编码所需要的碱基数,  $B(j)$  为编码第  $i$  个抽头系数的数字串从左往右的第  $j$  位数字;

步骤 4-3-2,通过以下公式按比例将  $f_i(0)$  转换成权向量的解;

$$w_i(0) = \frac{f_i(0)}{4^{l-1}} (d_{\max i} - d_{\min i}) + d_{\min i} ,$$

式中,  $d_{\max i}$  和  $d_{\min i}$  分别为权向量第  $i$  个抽头系数的最大值与最小值。

6. 根据权利要求 1~4 中任意一项所述的基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法,其特征在于:所述步骤 4-4 中优质种群的交叉操作包括如下步骤:

步骤 4-4-1,置换交叉操作:从优质种群中随机选择两个个体作为父体并随机产生一个 (0,1) 之间的随机数,将该随机数与置换交叉概率  $p_1$  进行比较,若该随机数小于  $p_1$ ,则在每个父体中分别随机选取碱基数目相等的一段基因序列,对选取的碱基序列置换交叉一次,得到两个新个体;否则,不执行置换交叉操作;

步骤 4-4-2,转位交叉操作:再随机产生一个 (0,1) 之间的随机数,将该随机数与转位交叉概率  $p_2$  进行比较,若该随机数小于  $p_2$ ,则对步骤 4-4-1 得到的两个个体中内随机选取一段碱基序列并将其剪切下来,同时在已剪切一段碱基序列的个体中随机选择一个新位置并将该个体中剪切下来的碱基序列插入到这个新位置中,分别得到两个新个体;否则,不

执行转位交叉操作；

步骤 4-4-3, 经步骤 4-4-1 和步骤 4-4-2 后, 若被选中的两个个体均未执行置换交叉和转位交叉操作, 则随机产生一个  $(0, 1)$  之间的随机数, 将该随机数与重构交叉概率  $p_3$  进行比较, 若该随机数小于  $p_3$ , 则这两个个体执行重构交叉操作一次, 得到两个新个体；

步骤 4-4-4, 对每一代种群重复步骤 4-4-1 到步骤 4-4-3, 直到产生的新个体数为  $M/2$  个为止, 然后将得到的新个体放入到原种群中。

7. 根据权利要求 1 ~ 4 中任意一项所述的基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法, 其特征在于: 所述步骤 4-5 中的联赛选择操作包括如下步骤:

步骤 4-5-1, 从执行变异操作后的种群中随机选择两个个体进行适应度值大小的比较, 将其中适应度值最大的个体保留到下一代群体中；

步骤 4-5-2, 将步骤 4-5-1 重复执行  $M-1$  次, 就可以得到下一代群体中的  $M-1$  个个体。

## 一种基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法

### 技术领域

[0001] 本发明属于通信技术领域,涉及一种盲均衡方法,具体地说,是涉及一种基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法。

### 背景技术

[0002] 在无线通信中,由于通信信道复杂多变而引起的失真和有限带宽所带来的码间干扰 (Inter-Symbol Interference, ISI) 是影响通信质量的主要因素,为了提高通信质量,需要采用有效的信道均衡技术来消除码间干扰所带来的影响。与传统的自适应均衡算法相比,常数模算法 (Constant Modulus Algorithm, CMA) 由于不需要发送训练序列,极大地提高了带宽的利用率。然而,对于传统的常模盲均衡算法来说,其收敛速度慢、均方误差大,不适合用于高速实时无线通信。将正交小波变换引入到常数模盲均衡算法中,通过正交小波变换降低输入信号的相关性,从而进一步提高了常模盲均衡算法的收敛速度。然而这些算法都是常数模算法的思想上对均衡器权向量进行优化更新的,要求误差函数可导,并且容易陷入局部最优。

[0003] 以正交小波常数模盲均衡方法 WTCMA 为例,WTCMA 原理如图 1 所示,图 1 中  $a(n)$  为发射信号,  $h(n)$  为信道冲击响应,  $v(n)$  为信道的加性高斯白噪声,  $y(n)$  为正交小波变换器输入信号,  $r(n)$  为正交小波变换器输出信号,  $w(n)$  为均衡器的权向量,  $z(n)$  为盲均衡器的输出信号。其中

$$[0004] \quad y(n) = a(n)h(n) + v(n) \quad (1)$$

$$[0005] \quad r(n) = Vy(n) \quad (2)$$

$$[0006] \quad z(n) = w^H(n)r(n) \quad (3) \text{ 式中, } R = \frac{E[|a(n)|^4]}{E[|a(n)|^2]^2} \text{ 称为 Godard 常数, } V \text{ 为正交小波变}$$

换矩阵,  $H$  表示共轭转置,  $E$  表示数学期望,下同。

[0007] WTCMA 的代价函数为

$$[0008] \quad J(w) = E\{[R - |z(n)|^2]^2\} \quad (4)$$

$$[0009] \quad w(n+1) = w(n) + \mu \hat{R}^{-1}(n)r(n)e^*(n)z^*(n) \quad (5)$$

[0010] 式中,  $*$  表示取共轭操作;  $e(n) = R - |z(n)|^2$  为误差函数;  $0 < \mu < 1$  为步长是常数,

[0011]  $\hat{R}(n) = \text{diag}[\sigma_{j,0}^2(n), \sigma_{j,1}^2(n), \dots, \sigma_{j,k_j}^2(n), \sigma_{j+1,0}^2(n), \dots, \sigma_{j+1,k_j}^2(n)]$ , 其中  $\text{diag}[\cdot]$  表

示对角矩阵,  $*$  表示共轭,  $\sigma_{j,k_j}^2(n)$  和  $\sigma_{j+1,k_j}^2(n)$  分别表示  $r_{j,k_j}(n)$  和  $s_{j+1,k_j}(n)$  的平均功率估计,

且

$$[0012] \quad \begin{cases} \sigma_{j,k_j}^2(n+1) = \beta \sigma_{j,k_j}^2(n) + (1-\beta) |r_{j,k_j}(n)|^2 \\ \sigma_{j+1,k_j}^2(n+1) = \beta \sigma_{j+1,k_j}^2(n) + (1-\beta) |s_{j+1,k_j}(n)|^2 \end{cases}$$

[0013] 式中,  $\beta$  为平滑因子, 且  $0 < \beta < 1$ , 一般取略小于 1 的数,  $r_{j,k_j}(n)$  是尺度参数为  $j$ , 平移参数为  $k_j$  的小波变换系数,  $j, k_j$  均取正整数;  $s_{J+1,k_j}(n)$  为小波分解的最大尺度为  $J+1$ , 平移参数为  $k_j$  的尺度变换系数。以上就是正交小波常模盲均衡方法 WTCMA。式 (5) 的更新, 需要知道权向量  $w(n)$  的初始向量  $w(0)$ , 而  $w(0)$  的取值直接影响着盲均衡方法的收敛性能, 到目前为止, 依然没有有效  $w(0)$  的取值方法。在 WTCMA 方法中, 仍采用传统的中心抽头初始化方法来确定  $w(0)$  的值, 这种方法确定的  $w(0)$  会使 WTCMA 误收敛。

[0014] 遗传算法 (Genetic Algorithm, GA) 是以自然选择和遗传理论为基础, 模拟自然界生物遗传进化进程的人工智能优化算法。遗传算法不依赖于问题的具体领域, 具有很强的鲁棒性。然而, 传统的遗传算法收敛速度慢, 而且容易早熟收敛。DNA 计算是 Adleman 博士 1994 年首次提出的。DNA 计算是一种新型的计算方式, 它将问题的解编码为 DNA 核苷酸链, 再通过各种基因级操作筛选出问题的最优解。由于 DNA 计算和遗传算法有着天然的联系, 所以研究人员将 DNA 计算和遗传算法相结合, 提出了 DNA 遗传算法。基于 DNA 的遗传算法能够更好地反映出生物遗传信息的表达机制, 更有利于发展功能更强大、解决更复杂问题的智能优化系统。

[0015] 如果能将 DNA 遗传算法应用到盲均衡算法的均衡器权向量优化中, 则有利于避免传统遗传算法的早熟收敛, 从而获得更快的收敛速度和更低的稳态误差, 但现有技术中尚缺乏将 DNA 遗传算法与盲均衡算法相结合的应用模型。

## 发明内容

[0016] 为解决上述问题, 本发明针对现有的正交小波常模盲均衡方法 (WTCMA) 初始权向量难以确定、权向量更新过程易陷入局部收敛的缺陷, 将 DNA 遗传算法与正交小波常数模盲均衡方法相结合, 充分利用 WTCMA 和 DNA 遗传算法的优点, 公开了一种基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法 (Orthogonal Wavelet Transform Constant Modulus Blind Equalization Algorithm Based on the Optimization of DNA Genetic Algorithm, DNA-GA-WTCMA)。

[0017] 为了达到上述目的, 本发明提供如下技术方案:

[0018] 一种基于 DNA 遗传优化的正交小波盲均衡方法, 包括如下步骤:

[0019] 步骤 1, 发射信号  $a(n)$  经过脉冲响应信道  $h(n)$  后加入信道噪声  $v(n)$ , 得到正交小波变换器输入信号  $y(n)$ :  $y(n) = a(n)h(n) + v(n)$ ; 其中,  $n$  为正整数且表示时间序列, 下同;

[0020] 步骤 2, 将步骤 1 所述的正交小波变换器输入信号  $y(n)$  送入正交小波变换器进行正交小波变换, 得正交小波变换器输出信号  $r(n)$ :  $r(n) = Vy(n)$ ; 其中,  $V$  为正交小波变换矩阵;

[0021] 步骤 3, 将步骤 2 所述的正交小波变换器输出信号  $r(n)$  作为盲均衡器输入信号, 得到盲均衡器输出信号  $z(n)$ :  $z(n) = w^H(n)r(n)$ ; 其中,  $w(n)$  为盲均衡器的权向量, 上标  $H$  表示共轭转置;

[0022] 步骤 4, 将步骤 2 所述的正交小波变换器输出信号  $r(n)$  作为 DNA 遗传算法的输入信号, 由 DNA 遗传算法优化盲均衡方法的初始权向量  $w(0)$ ;

[0023] 所述 DNA 遗传算法优化盲均衡方法的初始权向量  $w(0)$  的过程包括如下步骤:

[0024] 步骤 4-1, 设置初始种群并进行 DNA 编码

[0025] 设 DNA 遗传算法的初始种群  $\text{Chrom} = [w_1, w_2, \dots, w_M]$ , 其中  $w_m$  对应于正交小波常模盲均衡方法 WTCMA 的第  $m$  个权向量;  $1 \leq m \leq M$ ,  $M$  为种群规模中个体数量; 采用四种碱基对盲均衡器权向量  $w_m$  进行编码;

[0026] 步骤 4-2, 确定适应度函数

[0027] 将与正交小波盲均衡方法 WTCMA 权向量  $w_m$  对应的代价函数定义为

$$[0028] \quad J(w_m) = \frac{\sum_{i=1}^N (R - |z_m(i)|)^2}{N}$$

[0029] 式中,  $N$  为接收信号序列的长度, 取正整数;  $z_m(i)$  为与盲均衡器第  $m$  个权向量对应的输出信号; 定义为 DNA 遗传算法的适应度函数为  $J(w_m)$  的倒数, 即

$$[0030] \quad F(w_m) = \frac{b}{J(w_m)}$$

[0031] 式中,  $b$  表示比例系数; 代价函数  $J(w_m)$  的全局最小值, 也就是适应度函数最大值对应的个体就是要求的最优个体;

[0032] 步骤 4-3, 对种群分组

[0033] 将正交小波变换器输出信号作为 DNA 遗传算法的输入信号, 将种群中每个个体解码后的值代入到适应度函数中, 计算种群中每个个体的适应度函数值; 按个体适应度值大小对所有个体进行排序, 将前一半  $M/2$  个体作为优质种群, 将后一半  $M/2$  个体作为劣质种群; 将优质种群中适应度值最大的个体作为当前种群中的最优个体, 并作为精英个体保留;

[0034] 步骤 4-4, 优质种群的交叉操作

[0035] 在优质种群中随机选取用于操作的父体执行交叉操作, 对被选中的父体分别执行置换交叉操作和转位交叉操作, 执行置换交叉操作和转位交叉操作的概率分别为  $p_1$  和  $p_2$ ; 若被选中的父体均未执行置换交叉和转位交叉操作, 则按重构交叉概率  $p_3$  执行重构交叉操作; 重复以上交叉操作直到产生  $M/2$  个新个体, 然后将这  $M/2$  个新个体放入到优质种群和劣质种群中, 得到具有  $3M/2$  个个体的混合种群;

[0036] 步骤 4-5, 混合种群的变异操作与联赛选择操作

[0037] 对由优质种群进行交叉操作后得到的具有  $3M/2$  个个体的混合种群执行变异操作, 变异操作采用自适应动态变异, 用变异后的个体取代原个体, 变异操作完成后, 重复执行  $M-1$  次联赛选择操作, 挑选出  $M-1$  个个体, 与精英个体一起组成种群规模为  $M$  的新种群, 种群进化代数加 1;

[0038] 步骤 4-6, 判断是否达到进化终止条件

[0039] 设置最大进化代数为  $g_{\max}$  且为正整数, 如果进化次数达到最大进化代数, 则将种群中适应度值最大的个体作为最优个体输出, 并将其解码, 解码后的值作为均衡器的初始优化权向量; 否则, 返回步骤 4-3;

[0040] 步骤 5, 由步骤 4 获得初始权优化向量  $w(0)$  后, 对盲均衡器的权向量  $w(n)$  进行更新, 更新公式为:

$$[0041] \quad w(n+1) = w(n) + \mu \hat{R}^{-1}(n) r(n) e^*(n) z^*(n)。$$

[0042] 优选的,四种 DNA 碱基采用四个数字形成的组合来表示,所述四个数字满足互补碱基对之间的配对规律。

[0043] 优选的,采用“0、1、2、3”这四个数字的任意一种组合来表示四种 DNA 碱基。

[0044] 具体的,采用数字序列 0123 对应字母序列 CGAT,且 0 与 1 互补配对,2 与 3 互补配对。

[0045] 具体的,所述步骤 4-3 中的解码操作包括如下步骤:

[0046] 步骤 4-3-1,将 DNA 种群每个个体解码为一个  $M_f$  维的十进制向量

$[f_1(0), f_2(0), \dots, f_{M_f}(0)]$ , 其中  $M_f$  为盲均衡器权长,  $f_i(0) = \sum_{j=1}^L B(j) \times 4^{L-j}$ , 1 表示盲均衡器权

向量中的每一个抽头系数用 DNA 编码所需要的碱基数,  $B(j)$  为编码第  $i$  个抽头系数的数字串从左往右的第  $j$  位数字;

[0047] 步骤 4-3-2,通过以下公式按比例将  $f_i(0)$  转换成权向量的解;

$$[0048] \quad w_i(0) = \frac{f_i(0)}{4^{L-1}} (d_{\max i} - d_{\min i}) + d_{\min i},$$

[0049] 式中,  $d_{\max i}$  和  $d_{\min i}$  分别为权向量第  $i$  个抽头系数的最大值与最小值,由实验确定。

[0050] 具体的,所述步骤 4-4 中优质种群的交叉操作包括如下步骤:

[0051] 步骤 4-4-1,置换交叉操作:从优质种群中随机选择两个个体作为父体并随机产生一个  $(0, 1)$  之间的随机数,将该随机数与置换交叉概率  $p_1$  进行比较,若该随机数小于  $p_1$ ,则在每个父体中分别随机选取碱基数目相等的一段基因序列,对选取的碱基序列置换交叉一次,得到两个新个体;否则,不执行置换交叉操作;

[0052] 步骤 4-4-2,转位交叉操作:再随机产生一个  $(0, 1)$  之间的随机数,将该随机数与转位交叉概率  $p_2$  进行比较,若该随机数小于  $p_2$ ,则对步骤 4-4-1 得到的两个个体中内随机选取一段碱基序列并将其剪切下来,同时在已剪切一段碱基序列的个体中随机选择一个新位置并将该个体中剪切下来的碱基序列插入到这个新位置中,分别得到两个新个体;否则,不执行转位交叉操作;

[0053] 步骤 4-4-3,经步骤 4-4-1 和步骤 4-4-2 后,若被选中的两个个体均未执行置换交叉和转位交叉操作,则随机产生一个  $(0, 1)$  之间的随机数,将该随机数与重构交叉概率  $p_3$  进行比较,若该随机数小于  $p_3$ ,则这两个个体执行重构交叉操作一次,得到两个新个体;

[0054] 步骤 4-4-4,对每一代种群重复步骤 4-4-1 到步骤 4-4-3,直到产生的新个体数为  $M/2$  个为止,然后将得到的新个体放入到原种群中。

[0055] 具体的,所述步骤 4-5 中的联赛选择操作包括如下步骤:

[0056] 步骤 4-5-1,从执行变异操作后的种群中随机选择两个个体进行适应度值大小的比较,将其中适应度值最大的个体保留到下一代群体中;

[0057] 步骤 4-5-2,将步骤 4-5-1 重复执行  $M-1$  次,就可以得到下一代群体中的  $M-1$  个个体。

[0058] 与现有技术相比,本发明具有如下优点和有益效果:采用基于 DNA 核苷酸链的编码方式表示盲均衡方法的权向量、对编码后的 DNA 链采用交叉操作和变异操作来寻找 DNA 种群中的最优个体,对最优个体解码后作为盲均衡器最优初始权向量,克服了正交小波变换盲均衡方法(WTCMA)收敛速度慢、均方误差大、易于陷入局部极小值的缺点。仿真实验



表明,与正交小波变换盲均衡方法(WTCMA)和基于遗传优化的正交小波变换盲均衡方法(GA-WTCMA)相比,本发明方法具有收敛速度最快、均方误差最小和全局性能最优的特点,在通信技术领域有很强的实用价值。

### 附图说明

[0059] 图1为正交小波常数模盲均衡方法WTCMA的原理图;

[0060] 图2为本发明提供的基于DNA遗传优化的正交小波盲均衡方法DNA-GA-WTCMA的原理图;

[0061] 图3为优质种群的交叉操作流程图中;

[0062] 图4为本发明仿真结果图,其中(a)为均方误差曲线,(b)为WTCMA输出星座图,(c)为GA-WTCMA输出星座图,(d)为DNA-GA-WTCMA输出星座。

### 具体实施方式

[0063] 以下将结合具体实施例对本发明提供的技术方案进行详细说明,应理解下述具体实施方式仅用于说明本发明而不适用于限制本发明的范围。

[0064] 本发明原理如图2所示,首先对正交小波变换器输入信号 $y(n)$ 进行正交小波变换;然后,将正交小波变换器输出信号 $r(n)$ 作为DNA遗传算法的输入,并且把WTCMA的代价函数经适当变换后作为DNA遗传算法的适应度函数,利用DNA遗传算法的寻优能力来寻找盲均衡器初始最优权向量,具体地说,本发明包括如下步骤:

[0065] 步骤1,发射信号 $a(n)$ 经过脉冲响应信道 $h(n)$ 后加入信道噪声 $v(n)$ ,得到正交小波变换器输入信号 $y(n)$ : $y(n) = a(n)h(n) + v(n)$ ;其中, $n$ 为正整数且表示时间序列,下同;

[0066] 步骤2,将步骤1所述的正交小波变换器输入信号 $y(n)$ 送入正交小波变换器进行正交小波变换,得正交小波变换器输出信号 $r(n)$ : $r(n) = Vy(n)$ ;其中, $V$ 为正交小波变换矩阵;

[0067] 步骤3,将步骤2所述的正交小波变换器输出信号 $r(n)$ 作为盲均衡器输入信号,得到盲均衡器输出信号 $z(n)$ : $z(n) = w^H(n)r(n)$ ;其中, $w(n)$ 为盲均衡器的权向量,上标 $H$ 表示共轭转置;

[0068] 步骤4,将步骤2所述的正交小波变换器输出信号 $r(n)$ 作为DNA遗传算法的输入信号,由DNA遗传算法优化盲均衡方法权向量 $w(n)$ 的初始权向量 $w(0)$ ;

[0069] 所述DNA遗传算法优化盲均衡方法的初始权向量 $w(0)$ 的过程包括如下步骤:

[0070] 步骤4-1,设置初始种群并进行DNA编码

[0071] 设DNA遗传算法的初始种群 $Chrom = [w_1, w_2, \dots, w_M]$ ,其中 $w_m$ 对应于正交小波常数模盲均衡方法WTCMA的第 $m$ 个权向量; $1 \leq m \leq M$ , $M$ 为种群规模中个体数量;采用A、G、C、T四种碱基对盲均衡器权向量 $w_m$ 进行编码,编码空间为 $E = \{A, G, C, T\}^L$ ,其中上标 $L$ 为盲均衡器权向量进行DNA编码所形成的DNA序列的长度,权向量中的每一个抽头系数都需要用字母A、G、C、T这四种碱基来表示,但这种用字母A、G、C、T表示的DNA编码方式不能被计算机直接处理,需要将编码数字化;为此,采用“0、1、2、3”这四个数字共64种组合中的任意一种组合来表示四种DNA碱基,同时要求碱基的数字编码满足互补碱基对之间的配对规律;本发明采用数字序列0123依次字母序列CGAT,且碱基的数字编码满足互补碱基对之间

的配对规律,即,0 与 1 互补配对,2 与 3 互补配对。

[0072] 步骤 4-2,确定适应度函数

[0073] 将与正交小波盲均衡方法 WTCMA 权向量  $w_m$  对应的代价函数定义为

$$[0074] \quad J(w_m) = \frac{\sum_{i=1}^N (R - |z_m(i)|^2)^2}{N}$$

[0075] 式中,N 为接收信号序列的长度,取正整数; $z_m(i)$  为与盲均衡器第 m 个权向量对应的输出信号;将  $J(w_m)$  的倒数定义为 DNA 遗传算法的适应度函数,即

$$[0076] \quad F(w_m) = \frac{b}{J(w_m)}$$

[0077] 式中,b 表示比例系数;代价函数  $J(w_m)$  的全局最小值,也就是适应度函数最大值对应的个体就是要求的最优个体。

[0078] 步骤 4-3,对种群分组

[0079] 将正交小波变换器输出信号作为 DNA 遗传算法的输入信号,将种群中每个个体解码后的值代入到适应度函数中,计算种群中每个个体的适应度函数值,简称适应度值;按个体适应度值大小对所有个体进行排序,将前一半  $M/2$  个体作为优质种群,将后一半  $M/2$  个体作为劣质种群;将优质种群中适应度值最大的个体作为当前种群中的最优个体,并作为精英个体保留;

[0080] 具体地说,所述的解码操作为:

[0081] 步骤 4-3-1,将 DNA 种群每个个体解码为一个  $M_f$  维的十进制向量

$$[f_1(0), f_2(0), \dots, f_{M_f}(0)], \text{ 其中 } M_f \text{ 为盲均衡器权长, } f_i(0) = \sum_{j=1}^l \text{bit}(j) \times 4^{l-j}, \text{ 1 表示盲均衡器权}$$

向量中的每一个抽头系数用 DNA 编码所需要的碱基数,  $\text{bit}(j)$  为编码第  $i$  个抽头系数的数字串从左往右的第  $j$  位数字;

[0082] 步骤 4-3-2,通过以下公式按比例将  $f_i(0)$  转换成权向量的解;

$$[0083] \quad w_i(0) = \frac{f_i(0)}{4^{l-1}} (d_{\max i} - d_{\min i}) + d_{\min i},$$

[0084] 式中,  $d_{\max i}$  和  $d_{\min i}$  分别为权向量第  $i$  个抽头系数的最大值与最小值,由实验确定。

[0085] 步骤 4-4,优质种群的交叉操作

[0086] 在优质种群中随机选取用于操作的父体执行交叉操作,对被选中的父体分别执行置换交叉操作和转位交叉操作,执行置换交叉操作和转位交叉操作的概率分别为  $p_1$  和  $p_2$ ;若被选中的父体均未执行置换交叉和转位交叉操作,则按重构交叉概率  $p_3$  执行重构交叉操作;重复以上交叉操作直到产生  $M/2$  个新个体,然后将这  $M/2$  个新个体放入到优质种群和劣质种群中,得到具有  $3M/2$  个个体的混合种群;

[0087] 优质种群的交叉操作过程如图 3 所示,具体步骤为:

[0088] 步骤 4-4-1,置换交叉操作:从优质种群中随机选择两个个体作为父体并随机产生一个  $(0, 1)$  之间的随机数,将该随机数与置换交叉概率  $p_1$  进行比较,若该随机数小于  $p_1$ ,则在每个父体中分别随机选取碱基数目相等的一段基因序列,对选取的碱基序列置换交叉

一次,得到两个新个体;否则,不执行置换交叉操作;

[0089] 步骤 4-4-2,转位交叉操作:再随机产生一个(0,1)之间的随机数,将该随机数与转位交叉概率 $p_2$ 进行比较,若该随机数小于 $p_2$ ,则对步骤 4-4-1 得到的两个个体中内随机选取一段碱基序列并将其剪切下来,同时在已剪切一段碱基序列的个体中随机选择一个新位置并将该个体中剪切下来的碱基序列插入到这个新位置中,分别得到两个新个体;否则,不执行转位交叉操作;

[0090] 步骤 4-4-3,经步骤 4-4-1 和步骤 4-4-2 后,若被选中的两个个体均未执行置换交叉和转位交叉操作,则随机产生一个(0,1)之间的随机数,将该随机数与重构交叉概率 $p_3$ 进行比较,若该随机数小于 $p_3$ ,则这两个个体执行重构交叉操作一次(所谓重构交叉操作是指从优质种群中随机选择的两个个体作为父体 A 和 B,在父体序列 A 的后半部分随机选择一段碱基序列 R 并将其切除粘贴到父体序列 B 的前端,在保证个体碱基数目相同的前提下,将父体序列 B 的尾部多出来的碱基序列切除,随机生成一段与序列 R 等长度的碱基序列并粘贴到父体序列 A 的尾部,从而得到两个新的个体序列),得到两个新个体;

[0091] 步骤 4-4-4,对每一代种群重复步骤 4-4-1 到步骤 4-4-3,直到产生的新个体数为 $M/2$  个为止,然后将得到的新个体放入到原种群中;

[0092] 步骤 4-5,混合种群的变异操作与联赛选择操作

[0093] 对由优质种群进行交叉操作后得到的具有 $3M/2$  个个体的混合种群执行变异操作,变异操作采用自适应动态变异,用变异后的个体取代原个体,变异操作完成后,重复执行 $M-1$  次联赛选择操作,挑选出 $M-1$  个个体,与精英个体一起组成种群规模为 $M$  的新种群,种群进化代数加 1;

[0094] 具体地说,所述的变异操作过程如下:

[0095] 将混合种群中每个个体 DNA 链分为“高位部分”和“低位部分”,其中每个个体 DNA 链的前半部分为“高位部分”,后半部分为“低位部分”;根据生物学原理,“高位部分”变异概率与“低位部分”变异概率不同,将“高位部分”变异概率和“低位部分”变异概率分别设置为:

$$[0096] \quad p_{mh} = a_1 + \frac{b_1}{1 + \exp[a(g - g_0)]}$$

$$[0097] \quad p_{ml} = a_1 + \frac{b_1}{1 + \exp[-a(g - g_0)]}$$

[0098] 式中, $p_{mh}$  和  $p_{ml}$  分别代表“高位部分”和“低位部分”的变异概率, $a_1$  表示高位部分的最终变异概率和低位部分初始时刻的变异概率值; $b_1$  表示变异概率的变化范围; $g$  表示当前的进化代数, $g_0$  表示变异概率变化最大时的进化代数值; $a$  是变异概率最大时的斜率;在变异操作中,对混合种群中的每一个个体按变异概率执行变异操作;对于混合种群中的每一个个体,随机选择个体中的一个碱基,判断该选中的碱基是在序列的高位部分还是在低位部分,如果该碱基位于序列的高位部分,则根据当前的进化代数按高位部分变异概率计算出当前变异概率值,再产生一个 0 到 1 之间的随机数,若该随机数小于计算出的变异概率值,则执行变异操作,即该碱基以随机概率变异成另外三种碱基中的任何一个;反之,则不执行变异操作。低位部分中的碱基变异与此类似,区别仅仅在于被选中的碱基按低位部分变异概率执行变异操作;

[0099] 所述的联赛选择操作过程如下：

[0100] 步骤 4-5-1, 从执行变异操作后的种群中随机选择两个个体进行适应度值大小的比较, 将其中适应度值最大的个体保留到下一代群体中；

[0101] 步骤 4-5-2, 将步骤 4-5-1 重复执行 M-1 次, 就可以得到下一代群体中的 M-1 个个体。

[0102] 步骤 4-6, 判断是否达到进化终止条件

[0103] 设置最大进化代数为  $g_{\max}$  且为正整数, 如果进化次数达到最大进化代数, 则将种群中适应度值最大的个体作为最优个体输出, 并将其解码, 解码后的值作为均衡器的初始优化权向量；否则, 返回步骤 4-3。

[0104] 步骤 5, 由步骤 4 获得初始权优化向量  $w(0)$  后, 对盲均衡器的权向量  $w(n)$  进行更新, 更新公式为：

$$[0105] \quad w(n+1) = w(n) + \mu \hat{R}^{-1}(n) r(n) e^*(n) z^*(n)。$$

[0106] 为了验证本发明方法 DNA-GA-WTCMA 的有效性, 以基于遗传优化的正交小波常模盲均衡方法 GA-WTCMA 及正交小波常模盲均衡方法 WTCMA 为比较对象, 进行实验。实验中, 发射信号为 16PSK 信号, 信道  $h(n) = [0.3132 - 0.10400.89080.3134]$ , 噪声信号为高斯白噪声信号；均衡器权长为 16, 信噪比为 25dB, 训练样本个数  $N = 12000$ ；正交小波均采用 Db4 小波, 分解层数为 2 层,  $\beta$  取值为 0.99, 功率初始化值为 10；WTCMA 的步长为 0.000005；DNA 遗传算法的初始种群规模为 30；每个权向量个体 DNA 序列长度为 160；设置最大进化代数为 100, 置换交叉置  $p_1 = 0.8$ 、转位交叉概率  $p_2 = 0.5$  重构交叉概率  $p_3 = 0.2$ ；变异概率中,  $a_1 = 0.02$ ,  $b_1 = 0.2$ ,  $g_0 = 50$ ,  $a = 0.2$ 。300 次蒙特卡洛实验结果如图 3 所示。

[0107] 图 4 (a) 表明, 本发明方法 DNA-GA-WTCMA 的均方误差比 GA-WTCMA 和 WTCMA 分别低 2dB 和 5dB；本发明 DNA-GA-WTCMA 的收敛速度分别比 GA-WTCMA 和 WTCMA 约快 1500 步和 5500 步。从星座图上看, DNA-GA-WTCMA 输出的星座图(图 4 (d))比 WTCMA (图 4 (b))和 GA-WTCMA (图 4 (c))输出的星座图更清晰、紧凑。可见, 使用本发明方法 DNA-GA-WTCMA 可以显著提高盲均衡算法的收敛速度和减少均方稳态误差, 在通信技术领域有很强的实用价值。

[0108] 本发明方案所公开的技术手段不仅限于上述实施方式所公开的技术手段, 还包括由以上技术特征任意组合所组成的技术方案。应当指出, 对于本技术领域的普通技术人员来说, 在不脱离本发明原理的前提下, 还可以做出若干改进和润饰, 这些改进和润饰也视为本发明的保护范围。

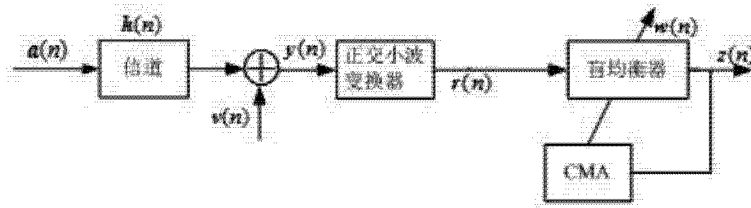


图 1

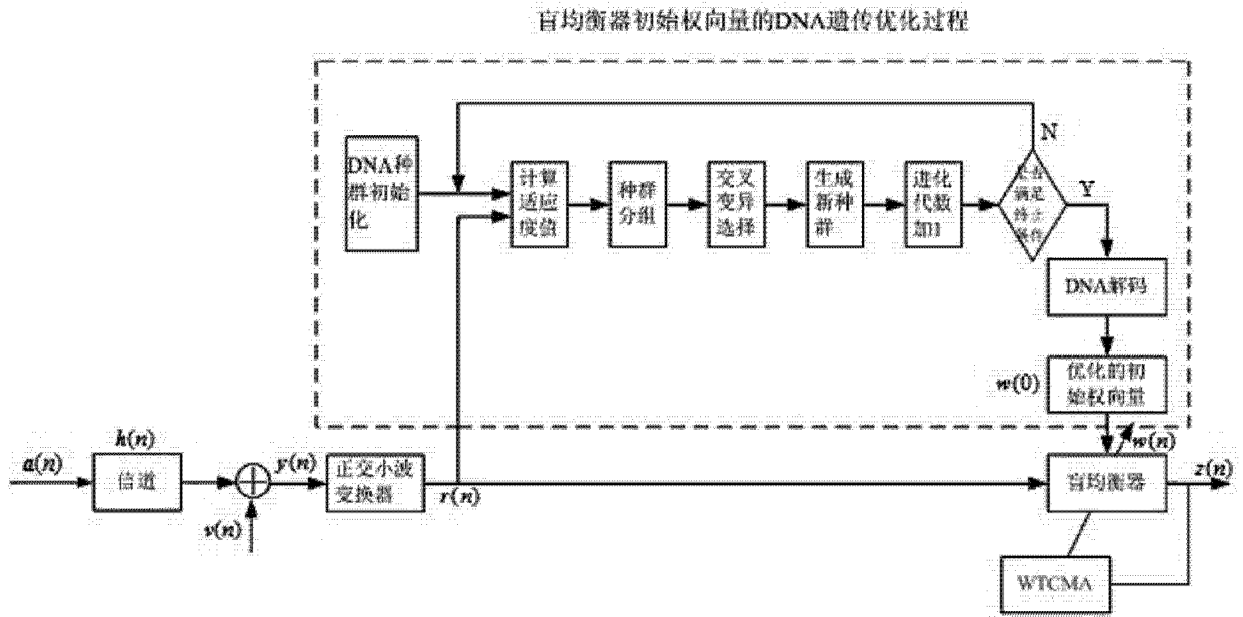


图 2

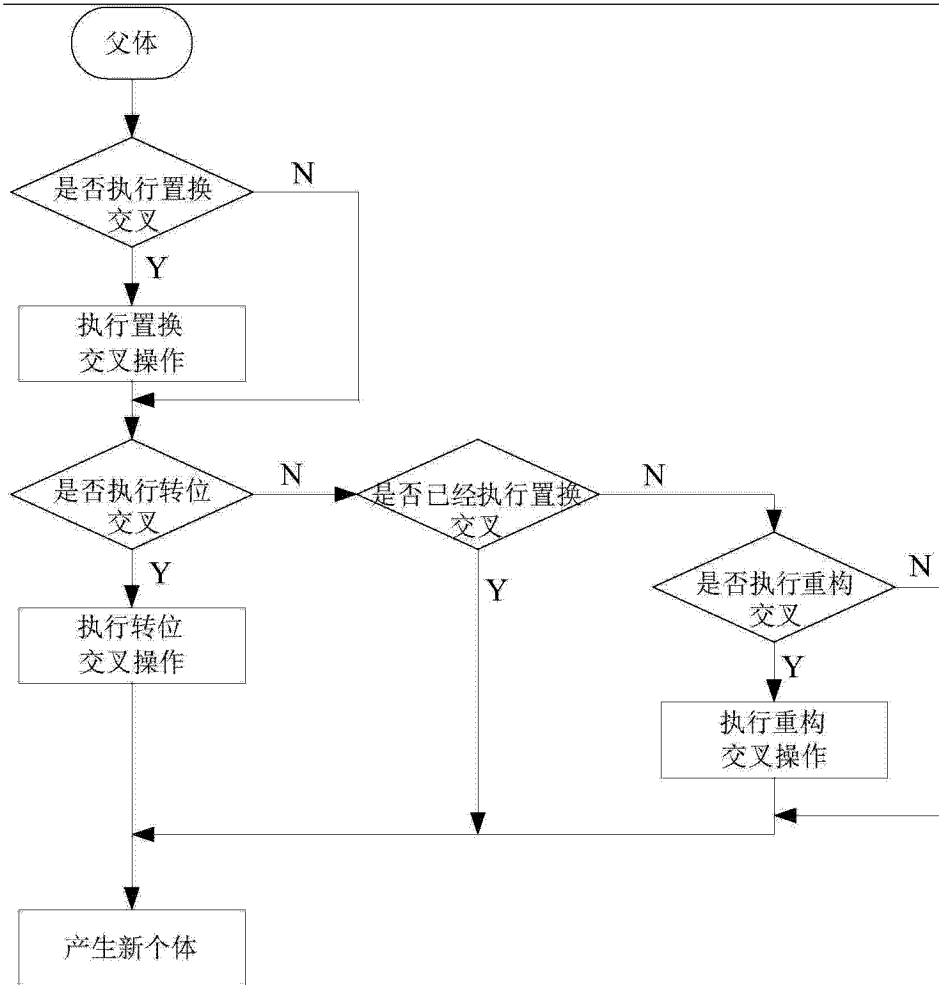
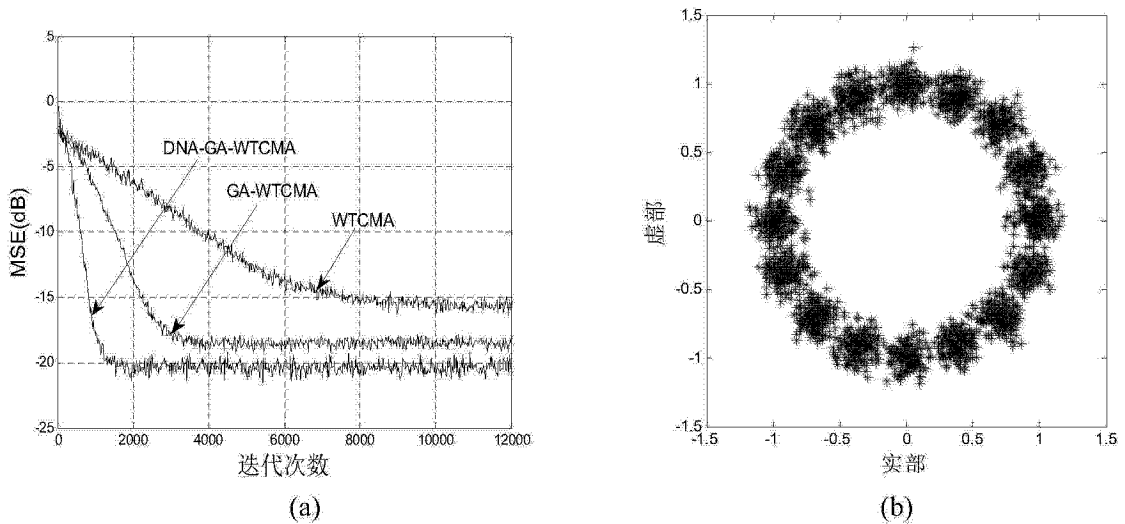
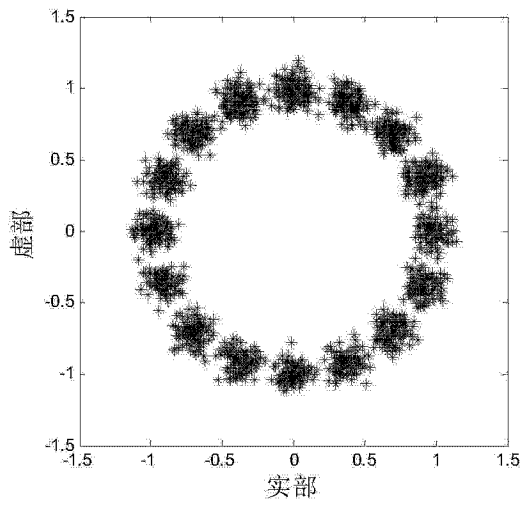
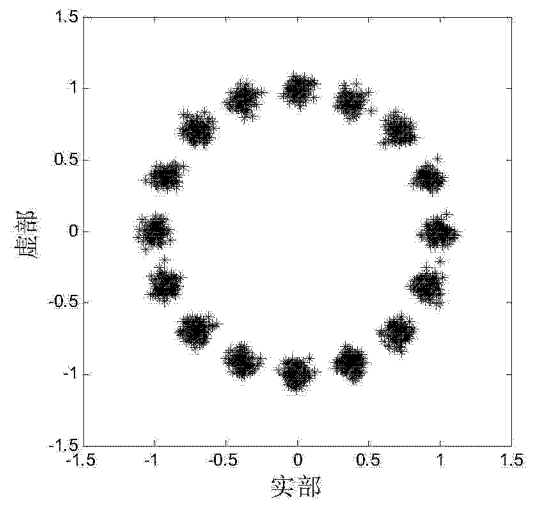


图 3





(c)



(d)

图 4