

文章编号:1001-9081(2009)05-1257-04

## 基于改进遗传算法的盲解卷积

董姝敏<sup>1,2</sup>, 李尧<sup>3</sup>, 刘洪波<sup>1</sup>, 乔双<sup>4</sup>

(1. 吉林师范大学 信息技术学院, 吉林 四平 136000; 2. 哈尔滨工程大学 水声工程学院, 哈尔滨 150001;

3. 北华大学 物理学院, 吉林 吉林 132013; 4. 东北师范大学 物理学院, 长春 130024)

(dongsm372@126.com)

**摘要:**针对时域盲解卷积存在求解变量多、收敛速度慢、容易陷入局部最优等问题进行了研究,提出一种防止遗传算法局部收敛的“监测策略”,可以实时监控算法向全局最优解靠近的情况;同时对交叉概率、变异概率等关键技术进行相应设计,该算法能够自动跳出局部最优,快速地收敛于全局最优解。在概率密度估计的基础上,得到时域盲解卷积的基于最小互信息的分离准则。以此最小互信息准则确定遗传算法的寻优标准,快速地实现了时域盲解卷积。使用 Matlab 软件仿真验证了该时域盲解卷积算法的有效性。

**关键词:**盲分离;盲卷积;遗传算法;最小互信息;概率密度估计

**中图分类号:** TN911 **文献标志码:** A

## Blind deconvolution based on improved genetic algorithm

DONG Shu-min<sup>1,2</sup>, LI Yao<sup>3</sup>, LIU Hong-bo<sup>1</sup>, QIAO Shuang<sup>4</sup>

(1. College of Information Technology, Jilin Normal University, Siping Jilin 136000, China;

2. College of Underwater Acoustic Engineering, Harbin Engineering University, Harbin Heilongjiang 150001, China;

3. School of Physics, Beihua University, Jilin Jilin 132013, China;

4. School of Physics, Northeast Normal University, Changchun Jilin 130024, China)

**Abstract:** Concerning the multi-variable solution, slow convergence and easily falling into a local optimum in time-domain blind deconvolution, a "monitoring strategy" was proposed in order to prevent from local convergence of genetic algorithm. At the same time, some of the key technologies of the general genetic algorithm, such as crossover probability and mutation probability, were designed correspondingly so that the algorithm could automatically jump out of the local optimum solution, and rapidly converge in the global optimum solution. Separation criteria based on minimum mutual information of time-domain blind deconvolution was obtained on the basis of probability density estimation. That separation criterion used as algorithm optimization standard of genetic algorithm, time-domain blind deconvolution was realized quickly. By using Matlab software to simulate, the effectiveness of time-domain algorithm proposed is confirmed.

**Key words:** blind source separation; blind convolution; genetic algorithm; minimum mutual information; probability density estimation

## 0 引言

根据盲分离(Blind Source Separation, BSS)混合模型的不同,可将其分为:瞬时线性混合盲分离、卷积混合盲分离(盲解卷积)、非线性混合盲分离。瞬时线性混合盲分离算法是迄今为止发展最为成熟、研究最多的一类算法,也是最简单、最基础的分离算法。与之相比,盲解卷积的难度要大得多。

盲分离常采用牛顿迭代法、最速下降法等梯度型算法进行优化求解,这类数值优化算法只能获得局部最优解,难以保证算法的全局收敛性;并且牛顿迭代法对初值较为敏感,使得传统的独立成分分析方法<sup>[1]</sup>在处理多峰值寻优问题时容易陷入局部最优,并且存在速度慢、精度不高等弊端。在实际环境中,BSS 问题多数情况下是一个多峰值的寻优问题,很多盲源分离方法对解决这类问题有时是无能为力的,所以需要寻找一种环境适应能力强、通用性强、抑制噪声能力强的盲分离算法<sup>[2]</sup>。遗传算法<sup>[3]</sup>有着全局收敛、并行计算、能够搜索多

峰值复杂空间等特点,而且遗传算法需要的辅助优化信息较少,整个优化过程只需设定一个适应度函数即可,无需考虑非线性函数的选取问题。因此,以遗传算法作为盲分离算法优化计算的工具,可以在一定程度上解决局部极值问题,提高算法分离精度。文献[4]使用遗传算法对瞬时线性混合盲分离进行了研究,但未提及盲解卷积的情况。本文主要讨论卷积混合情况下,以遗传算法作为寻优工具的盲分离问题。

## 1 卷积盲分离模型

### 1.1 混合模型

卷积盲分离混合模型的一般形式如下:

$$\mathbf{x}(t) = \sum_{p=0}^L \mathbf{A}(p)\mathbf{s}(t-p) + \mathbf{n}(t); t = 1, \dots, T \quad (1)$$

式中  $\mathbf{s}(t) = [s_1(t), \dots, s_n(t)]^T$  为  $n \times 1$  独立源信号向量,  $\mathbf{x}(t) = [x_1(t), \dots, x_m(t)]^T$  为  $m \times 1$  传感器的观测向量,  $\mathbf{n}(t) = [n_1(t), \dots, n_m(t)]^T$  为  $m \times 1$  加性噪声向量,  $\mathbf{A}(p)$  为

收稿日期:2008-11-19;修回日期:2009-02-09。

基金项目:国家 863 计划项目(2002AA632080);吉林省自然科学基金资助项目(20050705-6)。

**作者简介:**董姝敏(1978-),女,吉林松源人,博士,主要研究方向:信息与信号处理、光电子信息、智能计算;李尧(1968-),男,吉林德惠人,副教授,主要研究方向:计算机通信、网络安全、系统仿真、优化控制、智能计算;刘洪波(1975-),男,吉林梨树人,讲师,硕士研究生,主要研究方向:光电信息处理、数字图像处理;乔双(1963-),男,吉林长春人,教授,博士,主要研究方向:图像处理、神经网络模式识别、微型计算机的逻辑设计、核电子学。

$L$  阶  $m \times n$  信道混合矩阵,即信道冲激响应矩阵。若  $\mathbf{A}(p)$  为  $L$  阶常数矩阵,则式(1)为线性时不变模型;若  $\mathbf{A}(p) = \mathbf{A}(p, t)$ ,即  $\mathbf{A}(p)$  为  $L$  阶时变矩阵,则式(1)为线性时变模型。

### 1.2 分离模型

相应地,卷积盲分离的分离模型的一般形式如下:

$$\mathbf{y}(t) = \sum_{p=0}^K \mathbf{W}(p) \mathbf{x}(t-p); t=1, \dots, T \quad (2)$$

盲解卷积就是寻求分离矩阵  $\mathbf{W}(p)$ ,使  $\mathbf{y}(t)$  成为独立源信号  $\mathbf{s}(t)$  的估计  $\mathbf{y}(t) = \hat{\mathbf{s}}(t)$ 。显然,瞬时线性混叠情况就是上述模型中  $p=0$  时的特殊情况,这时  $\mathbf{W}$  是  $n \times m$  矩阵,是卷积混叠的特例。盲解卷积问题可以把  $\mathbf{W}(p)$  看成是  $K$  个  $n \times m$  矩阵序列,即  $\{\mathbf{W}(p)\} (p=0, 1, 2, \dots, K)$ ,可以将瞬时混合盲分离算法加以推广应用到盲解卷积中。

依据源信号、观测信号的个数  $n$  与  $m$  的大小关系,又可将盲分离分为以下三类:当  $m=n$  时,称为正定盲信号分离,多数盲分离算法都是基于这种情况提出的,再将其推广应用到其他情况; $m>n$  时,称为超定盲信号分离,可以通过主分量分析、特征值分解等方法判别源信号的个数  $n$ ,再进行盲分离; $m<n$  时,称为欠定盲信号分离,此时实现盲分离比较困难,上述两种情况的盲分离算法已不再适用,到目前为止,稀疏矩阵分析法是解决欠定混合问题的主要方法。

### 1.3 目标函数的确定

#### 1.3.1 建立优化目标函数<sup>[5-6]</sup>

基于信息论,分离信号  $\mathbf{y}(t)$  各分量之间互信息表示为:

$$I(y_1, \dots, y_n) = I(\mathbf{W}) = \sum_{i=1}^n H(y_i) - H(\mathbf{y}) \quad (3)$$

令  $m=n$ ,  $\mathbf{W}$  是方阵,对于瞬时混合盲分离  $\mathbf{y}(t) = \mathbf{W}\mathbf{x}(t)$ ,由概率论理论可知:

$$I(y_1, \dots, y_n) = \sum_{i=1}^n H(y_i) - H(\mathbf{x}) - \log |\det(\mathbf{W})| \quad (4)$$

因为  $H(\mathbf{x})$  是观测信号的联合熵,与  $\mathbf{W}$  无关,所以互信息的代价函数  $\varphi_M(\mathbf{W})$  为:

$$\varphi_M(\mathbf{W}) = \sum_{i=1}^n H(y_i) - \log |\det(\mathbf{W})| \quad (5)$$

最小化此代价函数,可使  $\mathbf{y}(t)$  的各分量趋于独立。

对于卷积盲分离,分离矩阵  $\mathbf{W}(p)$  不再是方阵,而是  $n \times (K \times m)$  的矩阵,无法求出  $\log |\det(\mathbf{W})|$  项,故将代价函数  $\varphi_M(\mathbf{W})$  重新修改如下:

$$\varphi_M(\mathbf{W}) = \sum_{i=1}^n H(y_i) - \log \left| \sum_{k=1}^K \det(\mathbf{W}(k)) \right| \quad (6)$$

$\mathbf{W}(k)$  为  $K$  阶卷积信道分离矩阵。

#### 1.3.2 基于简单概率密度估计的目标优化

最小化  $\varphi_M(\mathbf{W})$ ,需要估计  $\mathbf{y}(t)$  的边缘熵:

$$H(y_i) = - \int p(y_i) \log(p(y_i)) dt$$

最直接的方法就是估计出  $\mathbf{y}(t)$  的边缘概率密度<sup>[7]</sup>  $p(y_i)$ 。最常用的概率密度估计的法有直方图法、Rosenblatt 法、Parzen 的核估计法及最近邻估计法等<sup>[8]</sup>。直方图法简单易行,样本点数较大时采用直方图法能够估计出来的概率密度能够反映样本的基本特征,具体方法如下:

1) 设  $\mathbf{y}(t)$  的第  $i$  个分量  $y_i(t)$  的取样点数为  $T$ ,将  $y_i(t)$  的取值区间分为  $N_i$  个区间,各区间的中心值为  $b_j (j=1, 2, \dots, N_i)$ ,  $b_j$  的取值域为  $[\min(y_i), \max(y_i)]$ ;

2)  $y_i(t)$  的取样值落在第  $j$  个区间的点数为  $D_j (j=1, 2, \dots, N_i)$ ;

3) 当样本点数足够多时,  $y_i(t)$  边缘概率密度近似估计为:  $p(y_i) = D_j / N_i$ ,  $p(y_i)$  是变量  $b_j$  的函数;

4) 由  $y_i(t)$  的边缘概率密度便可求出其边缘熵:

$H(y_i) = - \int p(y_i) \log(p(y_i)) dt$ , 边缘概率密度的求解计算量并不非常大,简单、可行。

5) 最小优化目标函数,即:  $\min(\varphi_M(\mathbf{W})) = \min \left( \sum_{i=1}^n H(y_i) - \sum_{k=1}^K \log |\det(\mathbf{W}(k))| \right)$ ,通过优化算法便可迭代求出最佳分离信号  $\mathbf{y}(t) = \hat{\mathbf{s}}(t)$  及盲卷积分离矩阵序列  $\{\mathbf{W}(p)\}$ 。

### 1.4 算法的性能评价指标

BSS 问题的求解算法很多,有多种性能评价指标,例如:相似系数、性能指数、最大信噪比、优势度函数等。本文选用分离信号与源信号间的相似系数作为分离算法的评价指标。相似系数是描述分离信号与源信号相似性的参数,定义为<sup>[9]</sup>:

$$\xi_{ij} = \xi(y_i, s_j) = \left| \sum_{t=1}^T y_i(t) s_j(t) \right| / \sqrt{\sum_{t=1}^T y_i^2(t) \sum_{t=1}^T s_j^2(t)} \quad (7)$$

由式(7),当  $y_i(t) = c s_j(t)$  ( $c$  为常数)时,  $\xi_{ij} = 1$ ; 当  $y_i(t)$  与  $s_j(t)$  相互独立时,  $\xi_{ij} = 0$ 。所以由相似系数构成的相似系数矩阵每行每列都有且仅有一个元素接近于 1,其他元素都接近于 0,认为分离算法效果较为理想。

## 2 适合盲解卷积的遗传算法

遗传算法是一种完全不同于传统算法的全局优化搜索算法,具有很强的鲁棒性。优化过程不依赖于梯度、导数等辅助信息,仅以个体及其适应度值作为搜索信息,使用概率搜索技术就可在全局空间中自动地对非连续、多峰值、甚至有噪声等复杂问题同时进行多点搜索,自适应地控制搜索过程向最优解方向发展,可以高效率地得到全局最优解或满意解。显然,在卷积盲分离问题中,使用遗传算法作为优化工具,在全局空间内搜索分离矩阵序列  $\{\mathbf{W}(p)\}$  的最佳值是很自然的考虑。由于一般遗传算法用于盲信号分离容易发生局部收敛现象<sup>[10-12]</sup>,文献[13]介绍了一种自适应最优保留遗传算法,并将其应用于瞬时线性混合盲分离,分离效果较好。在此基础上,本文提出了防止遗传算法局部收敛的“监测策略”,同时也对遗传算法的交叉概率、变异概率等遗传策略做了适当的设计改进,得到适用于时域盲解卷积的全局搜索算法。

### 2.1 编码

选择编码策略对遗传算法的优化对象  $\{\mathbf{W}(p)\}$  进行编码,基于进化效率及解空间复杂度的考虑,对  $\{\mathbf{W}(p)\}$  进行实数编码,并顺序排列构为  $K \times m$  的  $n$  条染色体,编码后  $\{\mathbf{W}(p)\}$  的解空间是  $n \times (K \times m)$  的参数矩阵。

### 2.2 选择策略

采用适应值比例选择法,每个个体被选择的概率与适应值和群体平均适应值的比例有关,为保留优良个体不被破坏,进化采用父子最优竞争机制。

### 2.3 交叉策略

采用一致交叉,又称均匀交叉,即将每个点都作为潜在的交叉点,以概率方式决定是否对已选择的两个个体每个交叉点进行交叉。

步骤 1 按照选择规则,从父代染色体中随机选出两个父代个体  $\mathbf{W1}, \mathbf{W2}$ ,确定它们的交叉概率  $p_c$ ,通过交叉操作产生子代新个体  $\mathbf{W1}', \mathbf{W2}'$ ;

步骤 2 第  $i$  个交叉点  $\mathbf{W1}_i, \mathbf{W2}_i$  处产生一个随机数  $r = rand$ ,当  $r < p_c$  时,被选的两个染色体在该点执行以下交叉操作:  $\mathbf{W1}_i' = \mathbf{W2}_i, \mathbf{W2}_i' = \mathbf{W1}_i$ ;

步骤3 将步骤2的过程重复进行,直至最后一个交叉点。

#### 2.4 变异策略

随机地改变选中染色体的基因位的基因值,形成新个体。

步骤1 确定选中染色体  $W1$  的变异概率  $p_m$ , 通过变异操作产生子代新个体  $W1'$ 。

步骤2 在第  $i$  个基因位  $W1_i$  处产生一个随机数  $r = \text{rand}$ , 当  $r < p_m$  时,在该位执行以下变异操作:  $W1'_i = W1_i + \text{random} \cdot \text{random}$ 。random 表示指定区间  $[-a, a]$  的任意随机数。

步骤3 重复过程步骤2,直至  $W1$  最后一个基因位。

#### 2.5 交叉和变异概率自适应调整策略

假设染色体  $j$  是父代群体的局部最优解,按照最优竞争机制,  $j$  不进行交叉和变异,直接保留到子代,这样种群中  $j$  染色体越来越多,成为优势染色体,致使算法收敛于局部解  $j$ 。为了防止算法收敛于局部最优解  $j$ , 当前群体的最优染色体  $j$  也必须按照一定概率进行交叉、变异,采用的交叉概率  $p_c$  及变异概率  $p_m$  形式为:

$$p_c = \begin{cases} k_1(f_{\max} - k_2f)/(f_{\max} - f_{\text{avg}}), & f \geq f_{\text{avg}} \\ k_3, & f < f_{\text{avg}} \end{cases} \quad (8)$$

$$p_m = \begin{cases} k_4(f_{\max} - k_2f)/(f_{\max} - f_{\text{avg}}), & f \geq f_{\text{avg}} \\ k_5, & f < f_{\text{avg}} \end{cases} \quad (9)$$

式中  $f_{\max}$ 、 $f_{\text{avg}}$ 、 $f$  分别为当前群体的最大、平均及选中个体的适应度值;  $0.5 < k_1, k_2, k_3 < 1$ , 而  $0 < k_4, k_5 < 0.5$ 。常数  $k_2$  的引入可以使适应度值最大的个体也能以小概率进行交叉、变异,保证算法能够及时跳出局部最优点,有效解决了局部收敛问题。

#### 2.6 适应度函数

本文设定适应度函数为:

$$f(W, x(t)) = \frac{1}{\varphi_M(W, x(t)) + \text{eps}} \quad (10)$$

$\text{eps} \ll \varphi_M(W, x(t))$ , 目的是避免  $f(W, x(t))$  的值趋于无穷大。

### 3 监测策略

为了防止算法收敛于局部最优,本文提出一种控制算法局部收敛的“监测策略”,在算法执行过程中实时监测群体的准最优解情况。

步骤1 设定监测变量  $\text{detect}$ , 赋予  $\text{detect}$  实际意义。从两个角度定义  $\text{detect}$ : 1) 表示当代种群中同一“准”最优染色体  $\max W$  被传给子代的次数; 2) 表示种群中具有最大适应度值染色体个数。

步骤2 设定一个门限值  $\text{limit}$ ,  $\text{limit}$  的设定要依据遗传参数及具体的运行环境。步骤1中,  $\text{detect}$  取第一种含义, 设遗传算法的局部收敛控制概率为  $\text{prob}$  ( $\text{prob}$  越大, 算法局部收敛的可能性越大), 最大进化代数  $\text{gen}$ , 群体规模为  $\text{popsize}$ , 则  $\text{limit} = \text{const} \times \text{gen} \times \text{prob} + (1 - \text{const}) \times \text{popsize} \times \text{prob}$ ,  $\text{const}$  为  $(0, 1)$  内的常数。本文中设为  $\text{limit} = 5$ 。

步骤3 如果  $\text{detect} > \text{limit}$ , 说明种群中个体  $\max W$  占优势, 或者整个群体的解空间距离全局最优解很远, 有两种解决办法: 一种解决方法是向群体中注入新的染色体, 破坏准最优解  $\max W$  的形式, 增加种群的多样性, 使下一代新的准最优解  $\max W$  向全局最优解方向移动。另一种解决方法是: 对质量较差的染色体  $\min W$  重新赋值, 使其在  $\max W$  附近小范围变动, 但  $\min W$  不等于  $\max W$ , 实现方式为:  $\min W = \max W + \text{random}$ ,  $\text{random} \in [-a, a]$ , 是与  $\min W$  及  $\max W$  具有相同维数的随机数矩阵序列, 一般取  $a < 0.2$ 。被重新赋值的个体  $\min W$  的数目由  $\text{limit}$  值及种群规模确定。实验已经验证: 该方法能有效地防止算法陷入局部最优。

步骤4 算法设计过程中适当地加引入了信号的前置处

理和后置处理功能, 对遗传算法的收敛性和稳定性起到了辅助作用。

### 4 仿真实验

方便起见, 令  $m = n = 2$ , 且无噪声混合, 即  $x(t) =$

$\sum_{p=0}^L A(p)s(t-p)$ 。源信号如图1所示:

$$s_1 = \text{sign}(\cos(155 \times t)), \quad s_2 = \sin(2 \times \pi \times 90 \times t)$$

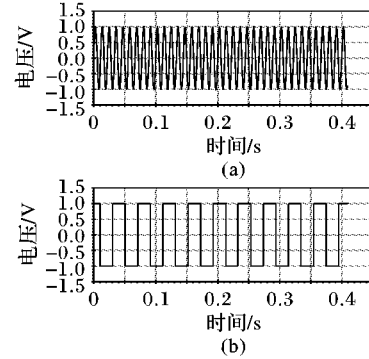


图1 源信号波形

随机产生的服从均匀分布的4阶混合矩阵序列为:

$$A = \left\{ \begin{bmatrix} 0.9003 & 0.2137 \\ -0.5377 & -0.0280 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 0.7826 & -0.0871 \\ 0.5242 & -0.9630 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 0.6428 & 0.2309 \\ -0.1106 & 0.5839 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 0.8436 & -0.6475 \\ 0.4764 & -0.1886 \end{bmatrix} \right\}$$

观测信号如图2。遗传算法的控制参数分别设定为: 最大进化代数  $\text{gen} = 50$ , 群体规模  $\text{popsize} = 100$ , 交叉概率及变异概率中常数取值分别为  $k_1 = 0.9, k_2 = 0.99, k_3 = 0.95, k_4 = 0.05, k_5 = 0.1$ 。采样点数  $T = 1024$ , 采样频率  $f_s = 2.5 \times 10^3 \text{ Hz}$ 。

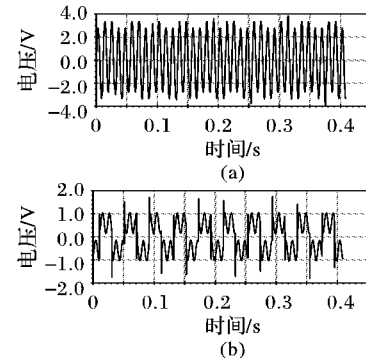


图2 混合信号波形

以改进遗传算法在时域内对以上卷积混合信号进行盲分离, 重复独立运行10次, 平均运行20代便可收敛, 收敛时间约为70s, 得到分离矩阵序列的全局最优解为:

$$W_{\text{opt}} = \left\{ \begin{bmatrix} -0.8025 & -11.1807 \\ -5.4198 & 0.8353 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} -2.2001 & 4.4587 \\ 0.5645 & 0.7967 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 0.0256 & 1.9573 \\ 1.3156 & 3.9381 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} 2.7507 & -6.1803 \\ 0.1263 & -7.7740 \end{bmatrix} \right\}$$

分离信号如图3所示, 分离算法的相似系数矩阵:

$$\xi = \begin{bmatrix} 0.0069209 & 0.99995 \\ 0.99997 & 3.0472 \times 10^{-5} \end{bmatrix}$$

使用未改进的遗传算法重复上述过程, 运行到100代结束程序, 均未收敛。取其中一次最好的运行结果, 分离信号如图4所示, 计算相似系数矩阵为:

$$\xi = \begin{bmatrix} 0.1185 & 0.8916 \\ 0.9126 & 0.1110 \end{bmatrix}$$

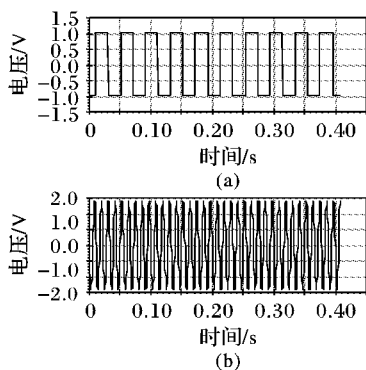


图3 改进算法的分离信号

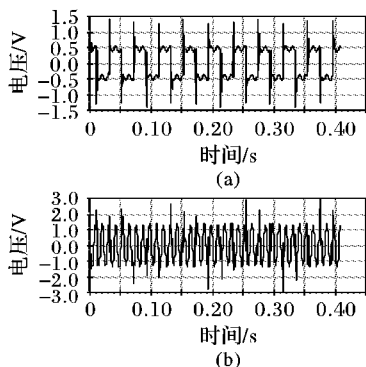


图4 算法改进前的分离信号

## 5 结语

通过对遗传算法的关键技术进行改进,对瞬时线性混合盲源分离算法的基于最小互信息的目标函数进行修正,在概率密度估计的基础上,得到时域卷积盲分离的基于最小互信息的目标函数,方便、简捷地实现了基于改进遗传算法的时域卷积盲分离。该分离算法存在着下列问题:1)源信号数目不是很大时,计算量不是很大,算法可快速收敛到全局最优,分离效果也相当好,没有出现局部收敛的现象;当源信号数目大于8时,算法的收敛速度和精度明显降低。2)该算法也同样存在幅度、次序不确定性,虽然盲分离中存在的不确定性还没有实质性地解决,但这并不影响问题的解决,这些模糊性都是我们所不关心的,因为通常情况下我们关心的信息都包含在各源信号的具体结构形式中。3)该算法还未能从分离含噪

声的混合信号中准确估计出源信号。4)本文提出的盲解卷积方法还未能解决源信号个数未知及动态变化的问题、时变卷积混合问题、欠定盲源分离问题等。有待于进一步研究自适应、自组织能力更强的BSS算法,进一步解决盲源分离的难题。

## 参考文献:

- [1] 张建明,林亚平,吴宏斌,等.独立成分分析的研究进展[J].系统仿真学报,2006,18(4):992-997.
- [2] 杨福生,洪波.独立分量分析的原理与应用[M].北京:清华大学出版社,2006.
- [3] GOLDBERG D E. Genetic algorithm in search, optimization and machine learning [M]. New York: Addison-Wesley Publishing Company, 1989.
- [4] 李良敏.基于遗传算法的盲源分离算法[J].西安交通大学学报,2005,39(7):740-743.
- [5] BABAIE-ZADEH M, JUTTEN C, NAYEBI K. A minimization projection (MP) approach for blind separating convolutive mixtures [C]// IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing: ICASSP 2004. 2004, 5: 533-536.
- [6] LARUE A, MARS J I, JUTTEN C. Frequency domain blind deconvolution based on mutual information rate [J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2006, 54(5): 1771-1781.
- [7] 何振亚,杨绿溪,刘璐,等.一类基于多变量密度估计的盲源分离方法[J].电子与信息学报,2001,23(4):345-353.
- [8] 陈希儒,柴跟象.非参数统计教程[M].上海:华东师范大学出版社,1993:247-255.
- [9] 马建仓,牛奕龙,陈海洋.盲信号处理[M].北京:国防工业出版社,2006.
- [10] NIX A E, VOSE M D. Modeling genetic algorithms with markov chains [J]. Annals of Mathematics and Artificial Intelligence, 1992, 5(1): 79-88.
- [11] DAWID H. A markov chain analysis of genetic algorithms with a state dependent fitness function [J]. Complex System, 1994, 8: 407-417.
- [12] YUE YU-FANG, MAO JIAN-QIN. Blind separation of sources based on genetic algorithm [C]// Proceedings of the 4th World Congress on Intelligent Control and Automation. Washington, DC: IEEE Press, 2002, 3: 2099-2103.
- [13] 尉宇,聂玉峰.自适应最优保存遗传算法在盲信号分离中的应用[J].武汉科技大学学报,2003,26(3):297-300.

(上接第1256页)

正是由于MES算法将种群划分为不同规模的两个子群,对精英子群使用递减的高斯变异算子,对普通子群使用柯西变异算子,保证了整个种群在解空间具有尽可能分散的全局搜索能力,同时在局部具有尽可能精细的局部搜索能力。

## 4 结语

针对进化策略收敛迅速,但存在后期收敛能力欠佳,易陷入局部极值点的弱点,从平衡进化策略的局部搜索能力和全局搜索能力出发,本文提出了一种基于双种群的改进进化策略算法。通过对算法进行理论分析说明了其正确性。利用典型的测试函数对MES算法的性能进行了测试,结果表明,MES算法具有良好的性能,而且这种良好的性能特别体现在对收敛精度要求较高的函数优化问题上。

## 参考文献:

- [1] SCHWEFEL H P, BACK T. Evolution strategies I: Variants and their computational implementation [C]// Proceedings of the Genetic Algorithms in Engineering and Computer Science. New York:

Wiley, 1995: 111-126.

- [2] SCHWEFEL H P, BACK T. Evolution strategies II: Theoretical aspects [C]// Proceedings of the Genetic Algorithms in Engineering and Computer Science. New York: Wiley, 1995: 127-140.
- [3] 周永权,张明,赵斌.基于进化策略方法求任意函数的数值积分[J].计算机学报,2008,31(2):467-496.
- [4] YAO XIN, LIU YONG. Fast evolution strategies [C]// Proceedings of the 6th International Conference on Evolutionary Programming, LNCS 1213: EP97. Berlin: Springer-Verlag, 1997: 151-161.
- [5] 夏慧明,梁华,周永权.用双种群进化策略算法求解复函数方程的根[J].计算机工程与应用,2008,44(7):78-81.
- [6] YAO XIN, LIN GUANG-MING, LIU YONG. An analysis of evolutionary algorithms based on neighborhood and step size [C]// Proceedings of the 6th International Conference on Evolutionary Programming, LNCS 1213: EP97. Berlin: Springer-Verlag, 1997: 297-307.
- [7] 王战权,赵朝义,云庆夏,等.进化策略中变异算子的改进研究[J].计算机仿真,1999,16(3):8-11.
- [8] 王向军,向东,蒋涛,等.一种双种群进化规划算法[J].计算机学报,2006,29(5):835-840.