



(12)发明专利

(10)授权公告号 CN 105376185 B

(45)授权公告日 2018.04.03

(21)申请号 201510728780.6

(22)申请日 2015.10.30

(65)同一申请的已公布的文献号
申请公布号 CN 105376185 A

(43)申请公布日 2016.03.02

(73)专利权人 南京信息工程大学
地址 210000 江苏省南京市建邺区奥体大街69号

(72)发明人 郭业才 姚超然 禹胜林

(74)专利代理机构 南京经纬专利商标代理有限公司 32200

代理人 许方

(51)Int.Cl.

H04L 25/03(2006.01)

(56)对比文件

CN 104462853 A,2015.03.25,

CN 105007247 A,2015.10.28,

CN 103888392 A,2014.06.25,

WO 2005101655 A8,2006.12.07,

CN 102497643 A,2012.06.13,

郭业才等.基于DNA遗传蝙蝠算法的分数间隔多模盲均衡算法.《兵工学报》.2015,第36卷(第8期),

审查员 曾珍

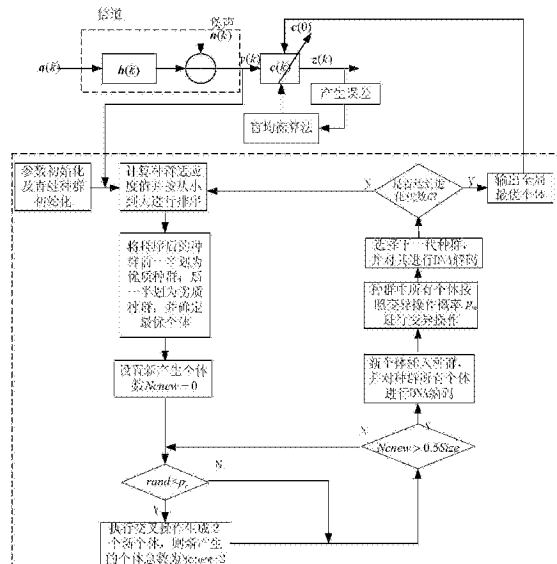
权利要求书2页 说明书7页 附图3页

(54)发明名称

一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法

(57)摘要

本发明公开了一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法,该发明方法充分利用混合蛙跳方法寻优能力强和DNA遗传方法收敛精度较高的优点,将二者相结合得到了DNA蛙跳方法,由DNA蛙跳方法对常模盲均衡权向量进行优化,优化步骤:1)初始化青蛙种群;2)计算青蛙种群中青蛙个体的适应度值,将青蛙个体的位置向量按适应度值从小到大进行排序,并对青蛙个体的位置向量进行交叉操作和对青蛙个体进行DNA编码后的DNA序列位置向量进行变异操作,从而选出最优青蛙个体的位置向量;3)将最优青蛙个体的位置向量作为常模盲均衡方法的初始权向量。本发明方法具有收敛速度快、均方误差小的优点。



1. 一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法,其特征在于,包括以下步骤:

步骤1、初始化青蛙种群,确定青蛙总数Size、青蛙个体维数 l ,进化代数 G ;

步骤2、计算青蛙种群中青蛙个体适应度值,并将青蛙个体的十进制位置向量按照适应度值从小到大进行排序,将排序后的青蛙种群的前一半作为优质种群,后一半作为劣质种群,适应度值最小的位置向量所对应的青蛙个体作为最优个体,令 N_{cnew} 为执行交叉操作生成的新的青蛙个体数,其初值设为零;所述步骤2中的青蛙个体适应度值是采用常模盲均衡代价函数的倒数作为适应度函数来获得;

步骤3、从优质种群中随机选择父体,并随机产生一个0到1的随机数 rand ,若 rand 小于交叉概率 p_c ,则执行交叉操作,执行交叉操作后生成2个新的青蛙个体,则 N_{cnew} 加2;当新生成的青蛙个体数 N_{cnew} 大于 0.5Size 时,则执行步骤4,否则继续执行交叉操作;

步骤4、将新产生的青蛙个体插入到青蛙种群中,并将青蛙种群中所有青蛙个体的位置向量进行DNA编码得到青蛙个体的DNA序列位置向量,DNA编码是由碱基序列组成;再产生一组数量与青蛙个体的DNA序列位置向量维数相同的0到1之间的随机数,这组随机数中的元素与青蛙个体的DNA序列位置向量中的元素一一对应,将产生的随机数分别与变异概率 p_m 比较,若随机数小于 p_m ,则对该随机数对应的DNA序列位置向量中的元素执行变异操作,用变异操作新产生的青蛙个体代替原青蛙个体;

步骤5、当所有青蛙个体变异操作完成后,执行 $\text{Size}-1$ 次联赛选择,从而挑选出 $\text{Size}-1$ 个青蛙个体组成下一代青蛙种群;同时将步骤2中的最优个体保留到下一代种群中,再对下一代种群进行DNA解码得到解码后的种群,当前进化代数加1;

步骤6、若当前进化代数达到预设的进化代数 G ,则输出最优青蛙个体的位置向量,执行步骤7;否则继续执行步骤2至步骤5;

步骤7、将输出的最优青蛙个体的位置向量作为盲均衡的初始权向量,再进行盲均衡运算。

2. 根据权利要求1所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法,其特征在于,所述步骤3中的交叉操作,具体如下:

DNA序列位置向量进行交叉操作时,首先从优质种群中任意选取两个青蛙个体的DNA序列位置向量作为父体,再从两个父体中分别随机选取一段碱基数目相等的序列进行交换,得到2个新的DNA序列位置向量,从而得到2个新的青蛙个体。

3. 根据权利要求1所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法,其特征在于,所述步骤4中的变异操作,具体如下:

从青蛙种群中任意选取一个青蛙个体的DNA序列位置向量,将该序列位置向量中任一元素的碱基序列以概率 p_m 变异为该元素的另一种碱基序列,得到一个新的DNA序列位置向量,从而得到新的青蛙个体。

4. 根据权利要求1所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法,其特征在于,所述步骤4中的DNA编码,具体如下:

步骤4-1、由第 i 只青蛙的位置向量 $X_i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{il}]$ 计算得到十进制位置过渡向量 $B_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{il}]$,其中, x_{ig} 表示第 i 只青蛙的位置向量 X_i 中第 g 个位置值, b_{ig} 表示第 i 只青蛙的十进制位置过渡向量中第 g 个位置值, $1 \leq g \leq l$ 且 g 为整数, l 为青蛙个体维数,

$$b_{ig} = \frac{x_{ig} - D_{ming}}{D_{maxg} - D_{ming}} \cdot 4^{d-g}, d \text{ 为编码长度, } D_{maxg} \text{ 和 } D_{ming} \text{ 分别为第 } i \text{ 只青蛙的位置向量 } X_i \text{ 中第 } g \text{ 个}$$

位置的最大值、最小值;

步骤4-2、将十进制位置过渡向量中第g个位置值 b_{ig} 转换成一串四进制数 s_{ig} ,则第i只青蛙个体的DNA序列位置向量 $\mathcal{S}_i = [s_{i1}^1, s_{i1}^2, \dots, s_{i1}^d, \dots, s_{iu}^1, s_{iu}^2, \dots, s_{iu}^d]$ 由1串四进制数 s_{ig} 组成,其中, s_{ig} 表示第i只青蛙个体的DNA序列位置向量 S_i 中第g个位置的整数串,长度为d, s_{ig}^n 表示第i只青蛙个体的DNA序列位置向量 S_i 中第g个子整数串中第n位的数字, $1 \leq n \leq d$ 且n为整数。

5. 根据权利要求4所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法,其特征在于,所述步骤5中的DNA解码,具体如下:

步骤5-1、将第i只青蛙个体的DNA序列位置向量 $\mathcal{S}_i = [s_{i1}^1, s_{i1}^2, \dots, s_{i1}^d, \dots, s_{iu}^1, s_{iu}^2, \dots, s_{iu}^d]$ 解码为十进制位置过渡向量 $B_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{id}]$, $b_{ig} = \sum_{n=1}^d s_{ig}^n \times 4^{d-n}$;

步骤5-2、将 b_{ig} 转换成第i只青蛙个体的十进制位置向量 X_i 中第g个位置值 x_{ig} ;转换公式为 $x_{ig} = \frac{b_{ig}}{4^{d-g}} (D_{maxg} - D_{ming}) + D_{ming}$ 。

一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法

技术领域

[0001] 本发明涉及盲均衡技术领域,特别是一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法。

背景技术

[0002] 在无线通信及高速数据通信系统中,由于实际信道的多径效应和带限特性,数据通过信道时将不可避免地产生码间干扰(Inter-symbol Interference, ISI),这是影响通信质量的一个重要因素。为了消除码间干扰,需在接收段采用均衡技术。盲均衡技术是一种不需要借助训练序列,仅利用接收序列本身的先验知识来均衡信道,使其输出序列尽可能的逼近发送序列。常模盲均衡方法(Constant modulus blind equalization algorithm, CMA)通过对接收信号取模运算将二维QAM信号映射到一维空间,然后在一维空间确定代价函数,由梯度搜索方法获得最优解。这类方法实现简单,得到了广泛的应用,但损失了信号的相位信息,且梯度方法易陷入局部收敛,难以获得全局最优。另外,常模盲均衡方法还存在收敛速度慢、均方误差大的缺点。

发明内容

[0003] 本发明所要解决的技术问题是克服现有技术的不足而提供一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法,利用混合蛙跳方法和DNA遗传方法相结合,对改进蛙跳优化过程,输出最优青蛙个体,并将其应用到常模盲均衡方法中;本发明方法收敛速度快、均方误差小。

[0004] 本发明为解决上述技术问题采用以下技术方案:

[0005] 根据本发明提出的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法,包括以下步骤:

[0006] 步骤1、初始化青蛙种群,确定青蛙总数Size、青蛙个体维数 l ,进化代数 G ;

[0007] 步骤2、计算青蛙种群中青蛙个体适应度值,并将青蛙个体的十进制位置向量按照适应度值从小到大进行排序,将排序后的青蛙种群的前一半作为优质种群,后一半作为劣质种群,适应度值最小的位置向量所对应的青蛙个体作为最优个体,令 N_{cnew} 为执行交叉操作生成的新的青蛙个体数,其初值设为零;

[0008] 步骤3、从优质种群中随机选择父体,并随机产生一个0到1的随机数 rand ,若 rand 小于交叉概率 p_c ,则执行交叉操作,执行交叉操作后生成2个新的青蛙个体,则 N_{cnew} 加2;当新生成的青蛙个体数 N_{cnew} 大于 0.5Size 时,则执行步骤4,否则继续执行交叉操作;

[0009] 步骤4、将新产生的青蛙个体插入到青蛙种群中,并将青蛙种群中所有青蛙个体的位置向量进行DNA编码得到青蛙个体的DNA序列位置向量,DNA编码是由碱基序列组成;再产生一组数量与青蛙个体的DNA序列位置向量维数相同的0到1之间的随机数,这组随机数中的元素与青蛙个体的DNA序列位置向量中的元素一一对应,将产生的随机数分别与变异概

率 p_m 比较,若随机数小于 p_m ,则对该随机数对应的DNA序列位置向量中的元素执行变异操作,用变异操作新产生的青蛙个体代替原青蛙个体;

[0010] 步骤5、当所有青蛙个体变异操作完成后,执行Size-1次联赛选择,从而挑选出Size-1个青蛙个体组成下一代青蛙种群;同时将步骤2中的最优个体保留到下一代种群中,再对下一代种群进行DNA解码得到解码后的种群,当前进化代数加1;

[0011] 步骤6、若当前进化代数达到预设的进化代数G,则输出最优青蛙个体的位置向量,执行步骤7;否则继续执行步骤2至步骤5;

[0012] 步骤7、将输出的最优青蛙个体的位置向量作为盲均衡的初始权向量,再进行盲均衡运算。

[0013] 作为本发明所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法进一步优化方案,所述步骤2中的青蛙个体适应度值是采用常模盲均衡代价函数的倒数作为适应度函数来获得。

[0014] 作为本发明所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法进一步优化方案,所述步骤3中的交叉操作,具体如下:

[0015] DNA序列位置向量进行交叉操作时,首先从优质种群中任意选取两个青蛙个体的DNA序列位置向量作为父体,再从两个父体中分别随机选取一段碱基数目相等的序列进行交换,得到2个新的DNA序列位置向量,从而得到2个新的青蛙个体。

[0016] 作为本发明所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法进一步优化方案,所述步骤4中的变异操作,具体如下:

[0017] 从青蛙种群中任意选取一个青蛙个体的DNA序列位置向量,将该序列位置向量中任一元素的碱基序列以概率 p_m 变异为该元素的另一种碱基序列,得到一个新的DNA序列位置向量,从而得到新的青蛙个体。

[0018] 作为本发明所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法进一步优化方案,所述步骤4中的DNA编码,具体如下:

[0019] 步骤4-1、由第i只青蛙的位置向量 $X_i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{il}]$ 计算得到十进制位置过渡向量 $B_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{il}]$,其中, x_{ig} 表示第i只青蛙的位置向量 X_i 中第g个位置值, b_{ig} 表示十进制位置过渡向量中第g个位置值, $1 \leq g \leq l$ 且g为整数,l为十进制位置向量的维数,

$$b_{ig} = \frac{x_{ig} - D_{\min g}}{D_{\max g} - D_{\min g}} \cdot 4^{d-g}$$
,d为编码长度, $D_{\max g}$ 和 $D_{\min g}$ 分别为第i只青蛙的位置向量 X_i 中第g个

位置的最大值、最小值;

[0020] 步骤4-2、将十进制位置过渡向量中第g个位置值 b_{ig} 转换成一串四进制数 s_{ig} ,则第i只青蛙个体的DNA序列位置向量 $\mathbf{S}_i = [s_{i1}^1, s_{i1}^2, \dots, s_{i1}^d, \dots, s_{il}^1, s_{il}^2, \dots, s_{il}^d]$ 由l串四进制数 s_{ig} 组成,其中, s_{ig} 表示第i只青蛙个体的DNA序列位置向量 S_i 中第g个位置的整数串,长度为d, s_{ig}^n 表示第i只青蛙个体的DNA序列位置向量 S_i 中第g个子整数串中第n位的数字, $1 \leq n \leq d$ 且n为整数。

[0021] 作为本发明所述的一种通信系统中基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡处理方法进一步优化方案,所述步骤5中的DNA解码,具体如下:

[0022] 步骤5-1、将第i只青蛙个体的DNA序列位置向量 $\mathbf{S}_i = [s_{i1}^1, s_{i1}^2, \dots, s_{i1}^d, \dots, s_{il}^1, s_{il}^2, \dots, s_{il}^d]$

解码为十进制位置过渡向量 $B_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{id}]$, $b_{ig} = \sum_{n=1}^d s_{ig}^n \times 4^{d-n}$;

[0023] 步骤5-2、将 b_{ig} 转换成第 i 只青蛙个体的十进制位置向量 X_i 中第 g 个位置值 x_{ig} ; 转换公式为

$$[0024] \quad x_{ig} = \frac{b_{ig}}{4^{d-g}} (D_{maxg} - D_{ming}) + D_{ming}$$

[0025] 本发明采用以上技术方案与现有技术相比,具有以下技术效果:

[0026] (1) 本发明将DNA遗传方法和混合蛙跳方法相结合并应用到通信系统中的常模盲均衡数据处理方法中,通过这种改进,提高了常模盲均衡方法的收敛速度、降低了均方误差;

[0027] (2) 本发明中的仿真结果表明,与基于混合蛙跳优化的常模盲均衡方法相比,输出星座图更加清晰紧凑。

附图说明

[0028] 图1是盲均衡原理图。

[0029] 图2是普通交叉操作图。

[0030] 图3是普通变异操作图。

[0031] 图4是DNA-SFLA-CMA流程图。

[0032] 图5是SFLA-CMA和DNA-SFLA-CMA收敛曲线图。

[0033] 图6是输出星座图;其中,(a)是SFLA-CMA星座图,(b)是DNA-SFLA-CMA星座图。

具体实施方式

[0034] 下面结合附图对本发明的技术方案做进一步的详细说明:

[0035] (1) 常模盲均衡方法

[0036] 盲均衡技术是一种不借助训练序列,仅利用接收序列本身的先验信息来均衡信道特性,使其输出序列尽量逼近发送序列的新兴自适应均衡技术。它能有效地补偿信道的非理想特性,克服码间干扰,减小误码率,提高通信质量。常模盲均衡方法原理框图如图1所示。

[0037] 图1中 $a(k)$ 为系统的发送序列; $h(k)$ 为离散时间传输信道(包括发射滤波器、传输媒介和接收滤波器等)的冲激响应,其长度为 M ; $n(k)$ 为加性高斯噪声; $y(k)$ 为均衡器的接收信号; $c(k)$ 均衡器的抽头系数; $z(k)$ 为盲均衡的输出序列; k 为时间序。

$$[0038] \quad y(k) = h(k) a(k) + n(k) \quad (1)$$

$$[0039] \quad z(k) = y(k) c(k) \quad (2)$$

[0040] CMA方法的误差函数 $e(k)$ 为

$$[0041] \quad e(k) = z(k) (z^2(k) - R^2) \quad (3)$$

[0042] 式中 R^2 为CMA模值,定义为

$$[0043] \quad R^2 = \frac{E[|a(k)|^4]}{E[|a(k)|^2]} \quad (4)$$

[0044] 式中 $E[*]$ 表示数学期望。

[0045] CMA代价函数为

$$J_{\text{CMA}}(k) = E\{[z^2(k) - R^2]^2\} \quad (5)$$

[0047] (2) 本发明基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡方法

[0048] 传统的常模盲均衡方法是采用快速梯度下降搜索法对均衡器权向量进行优化的, 缺乏全局搜索能力, 并且要求均衡器的代价函数必须满足可导的条件。为了进一步提高均衡器的性能, 本发明将DNA蛙跳方法应用到常模盲均衡方法中, 得到基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡方法。

[0049] 基于混合蛙跳优化的常模盲均衡方法

[0050] 混合蛙跳方法(Shuffled frog leaping algorithm, SFLA)是一种将全局信息交换和局部深度搜索相结合的搜索方法, 它继承其他优化方法的优点同时, 还具有寻优能力更强, 参数更少的优点, 目前已广泛应用于模式识别, 函数的优化, 信号与信息处理等领域中并取得了成功。

[0051] 基于混合蛙跳优化的常模盲均衡方法(Constant blind equalization based on shuffled frog leaping algorithm, SFLA-CMA)就是把蛙跳方法应用到常模盲均衡方法中, 利用更多优秀的青蛙个体进行搜索更新, 使得盲均衡方法性能有所提高。

[0052] 基于混合蛙跳优化的常模盲均衡方法原理就是将常模盲均衡代价函数的倒数作为蛙跳方法中的适应度函数, 并将由蛙跳方法优化得到的最优青蛙个体作为常模盲均衡的初始权向量代入到常模盲均衡方法中进行计算。

[0053] DNA遗传方法

[0054] DNA编码: 近年来, 随着DNA计算的问世和发展, 人们发现基于DNA的智能系统能反映生物体的遗传信息, 有利于发展功能更强大、能解决更复杂问题的智能行为。一个DNA分子是生物体内存储遗传信息的重要物质, 它由4种不同的核糖核苷酸分子组成通过反螺旋而形成的双链结构。一个DNA序列可以简单抽象为由腺嘌呤(A)、鸟嘌呤(G)、胞嘧啶(C)和胸腺嘧啶(T)这4种碱基组成的碱基串。本发明采用A、G、C、T、四种碱基对盲均衡方法的权向量进行编码, 此编码空间为 $E = \{A, G, C, T\}^L$, 其中 L 为DNA序列的长度。由于这种DNA编码方式不能被计算机直接处理, 因此采用0, 1, 2, 3这4个数字分别对应4种DNA碱基, 其编码空间为 $E = \{0, 1, 2, 3\}^L$, 这种映射关系总共有24种可能情况。在这些编码方式中, 采用的映射方式为: 0123/CGAT, 同时碱基的数字编码也要体现互补碱基对之间的配对规律, 即0与1互补配对, A与T互补配对。通过这种编码方式就能把一段DNA序列表示为一个数字序列, 便于计算机处理。

[0055] 交叉操作: 在本发明中, DNA遗传方法中的交叉操作是对青蛙个体的十进制位置向量进行交叉操作。交叉操作时模仿自然界中生物有性繁殖基因重组的过程。交叉操作不仅提高了子代种群的质量, 而且还增强了种群中个体的多样性。为了保证产生品质优良的后代, 根据适应度值将种群分为优质群体和劣质群体两个部分, 交叉操作只在优质群体的个体中执行。本发明的交叉操作使用DNA遗传方法中常用的普通交叉算子。首先在优质种群中任意挑选两个青蛙个体的DNA序列位置向量作为父体, 再从两个父体中分别随机选取一段碱基数目相等的序列进行交换, 得到2个新的DNA序列位置向量, 从而得到2个新的青蛙个体。交叉过程如图2所示。

[0056] 变异操作:在本发明中,DNA遗传方法中的变异操作是对青蛙个体的DNA序列位置向量进行变异操作。本发明中的变异操作使用了DNA遗传方法中常用的普通变异(normal mutation,NM)算子。该算子与二进制遗传方法中的翻转变异相似,是DNA序列位置向量中任一元素的碱基序列以概率 p_m 变异为该元素的另一种碱基序列,得到一个新的DNA序列位置向量,从而得到新的青蛙个体。如图3所示,个体中的碱基C被碱基A所代替。

[0057] 选择操作:在自然进化中,对生存环境适应程度高的物种遗传到下一代的机会更多。模拟这个过程,本发明使用了联赛选择方法来产生新一代种群。其基本思想为每次随即选择两个青蛙个体进行适应度比较,二者中适应度较小的一个个体遗传到下一代种群中,重复Size-1次,从而选择出Size-1个下一代青蛙个体。在进化过程中,由于选择、交叉、变异等操作的随机性,有可能丢失当前群体中适应度最好的个体,运行效率和收敛性会受不良影响。因此,本发明采用了精英保留机制,即将当前群体中适应度最小的个体即最优个体直接保留到下一代种群中,从而保证方法的收敛性。

[0058] 基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡方法

[0059] 传统的常模盲均衡方法是采用快速梯度下降搜索法对均衡器权向量进行优化的,缺乏全局搜索能力,并且要求均衡器的代价函数必须满足可导的条件。为了进一步提高均衡器的性能,本发明将DNA方法与SFLA方法相结合得到DNA蛙跳方法,再应用到常模盲均衡方法中,进一步得到基于DNA蛙跳方法优化的常模盲均衡方法(Constant modulus blind equalization based on the optimization of DNA shuffled frog leaping algorithm,DNA-SFLA-CMA)。从仿真结果看来,本发明方法DNA-SFLA-CMA比SFLA-CMA方法的收敛速度快。下面介绍该方法的步骤,如图4是DNA-SFLA-CMA流程图。

[0060] (1) 初始化青蛙种群,确定青蛙总数Size、青蛙个体维数 l ,进化代数 G ;

[0061] (2) 计算种群中青蛙个体适应度值,并将编码前青蛙个体的十进制位置向量按照适应度值从小到大进行排序,将排序后的青蛙种群的前一半作为优质种群,后一半作为劣质种群,适应度值最小的位置向量所对应的青蛙个体作为最优个体,令 N_{cnew} 为执行交叉操作生成的新的青蛙个体数,并将其初值设为零;

[0062] (3) 从优质种群中随机选择父体,并随机产生一个0到1的随机数rand,若rand小于交叉概率 p_c ,则执行交叉操作,执行交叉操作后生成2个新的青蛙个体,则 N_{cnew} 要加2;当新生成的青蛙个体数 N_{cnew} 大于 $0.5Size$ 时,则执行步骤4,否则继续执行交叉操作。这里提到的交叉操作过程如下:DNA序列位置向量进行交叉操作时,首先从优质种群中任意选取两个青蛙个体的DNA序列位置向量作为父体,再从两个父体中分别随机选取一段碱基数目相等的序列进行交换,得到2个新的DNA序列位置向量,从而得到2个新的青蛙个体;

[0063] (4) 将新产生的青蛙个体插入到青蛙种群中,并将种群中所有的青蛙个体位置向量进行DNA编码得到青蛙个体的DNA序列位置向量,DNA编码是由碱基序列组成;再产生一组数量与青蛙个体的DNA序列位置向量维数相同的0到1之间的随机数,这组随机数中的元素与青蛙个体的DNA序列位置向量中的元素一一对应,将产生的随机数分别与变异概率 p_m 比较,若随机数小于 p_m ,则对该随机数对应的DNA序列位置向量中的元素执行变异操作,用变异操作新产生的青蛙个体代替原青蛙个体。这里提到的变异操作过程如下:从种群中任意选取一个青蛙个体的DNA序列位置向量,将该序列位置向量中任一元素的碱基序列以概率 p_m 变异为该元素的另一种碱基序列,得到一个新的DNA序列位置向量,从而得到新的青蛙

个体。这里提到的DNA编码操作步骤如下：步骤4-1、由第*i*只青蛙的位置向量 $X_i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{i1}]$ 计算得到十进制位置过渡向量 $B_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{i1}]$ ，其中， x_{ig} 表示第*i*只青蛙的位置向量 X_i 中第*g*个位置值， b_{ig} 表示十进制位置过渡向量中第*g*个位置值， $1 \leq g \leq l$ 且*g*为整数

数， l 为十进制位置向量的维数， $b_{ig} = \frac{x_{ig} - D_{\min g}}{D_{\max g} - D_{\min g}} \cdot 4^{d-g}$ ， d 为编码长度， $D_{\max g}$ 和 $D_{\min g}$ 分别为第

*i*只青蛙的位置向量 X_i 中第*g*个位置的最大值、最小值；步骤4-2、将十进制位置过渡向量中第*g*个位置值 b_{ig} 转换成一串四进制数 s_{ig} ，则第*i*只青蛙个体的DNA序列位置向量

$S_i = [s_{i1}^1, s_{i1}^2, \dots, s_{i1}^d, \dots, s_{i1}^1, s_{i1}^2, \dots, s_{i1}^d]$ 由1串四进制数 s_{ig} 组成，其中， s_{ig} 表示第*i*只青蛙个体的

DNA序列位置向量 S_i 中第*g*个位置的整数串，长度为*d*， s_{ig}^n 表示第*i*只青蛙个体的DNA序列位置向量 S_i 中第*g*个子整数串中第*n*位的数字， $1 \leq n \leq d$ 且*n*为整数；

[0064] (5) 当所有青蛙个体变异操作完成后，执行Size-1次联赛选择，从而挑选出Size-1个青蛙个体组成下一代青蛙种群；同时将步骤2中的最优个体保留到下一代种群中，再对下一代种群进行DNA解码得到解码后的种群；将当前进化代数加1。这里提到的DNA解码过程如下：1) 将第*i*只青蛙个体的DNA序列位置向量 $S_i = [s_{i1}^1, s_{i1}^2, \dots, s_{i1}^d, \dots, s_{i1}^1, s_{i1}^2, \dots, s_{i1}^d]$ 解码为十进制

位置过渡向量 $B_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{i1}]$ ， $b_{ig} = \sum_{n=1}^d s_{ig}^n \times 4^{d-n}$ ；2) 将 b_{ig} 转换成第*i*只青蛙个体的十

进制位置向量 X_i 中第*g*个位置值 x_{ig} ；转换公式为 $x_{ig} = \frac{b_{ig}}{4^{d-g}} (D_{\max g} - D_{\min g}) + D_{\min g}$ ；

[0065] (6) 若当前进化代数达到预设的进化代数*G*，则输出最优青蛙个体的位置向量，执行步骤7；否则继续执行步骤2至步骤5；

[0066] (7) 将输出的最优个体位置向量作为盲均衡的初始权向量，再进行盲均衡运算。

[0067] (3) 实施例

[0068] 为了验证本发明方法DNA-SFLA-CMA的有效性，以基于混合蛙跳优化的常模盲均衡方法(Shuffled frog leaping algorithm, SFLA-CMA)作为对比对象，对本发明方法在MATLAB环境下进行仿真研究。仿真中，信源采用16QAM信号， $h = [0.9656 - 0.09060.05780.2368]$ ，均衡器权长为11，信噪比为25dB，训练样本个数为 $N = 10000$ ，CMA方法步长为 5×10^{-5} ，青蛙总数500个，最大进化代数为200，交叉概率为0.8，变异概率为0.1。本发明中以收敛后均衡器输出星座图及均方误差作为对方法性能进行评估的依据。

[0069] 图5表明，与SFLA-CMA方法相比，本发明方法DNA-SFLA-CMA的收敛速度快、均方误差较小。本发明方法DNA-SFLA-CMA的收敛速度比SFLA-CMA方法快约2000步；本发明方法DNA-SFLA-CMA的稳态误差比SFLA-CMA方法小约20dB；本发明方法DNA-SFLA-CMA的输出星座图比SFLA-CMA方法更清晰、紧凑。实验采用200次蒙特卡洛仿真。仿真结果如图6，图6是输出星座图；其中，图6中的(a)是SFLA-CMA星座图，图6中的(b)是本发明方法DNA-SFLA-CMA星座图。

[0070] 可见，将DNA蛙跳方法应用于常模盲均衡方法中，可以显著提高盲均衡方法的收敛速度和减少均方误差。

[0071] 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。

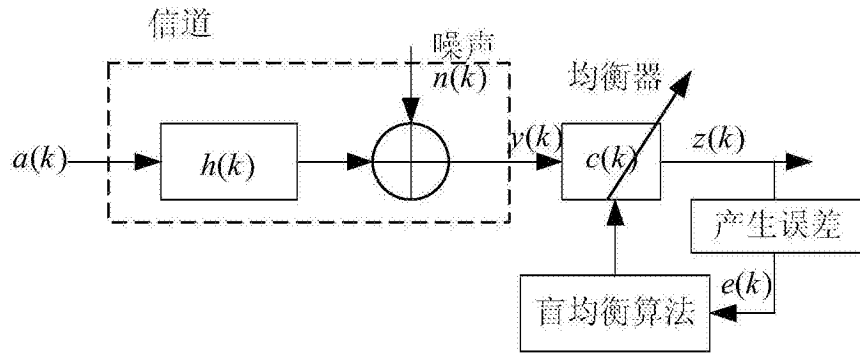


图1

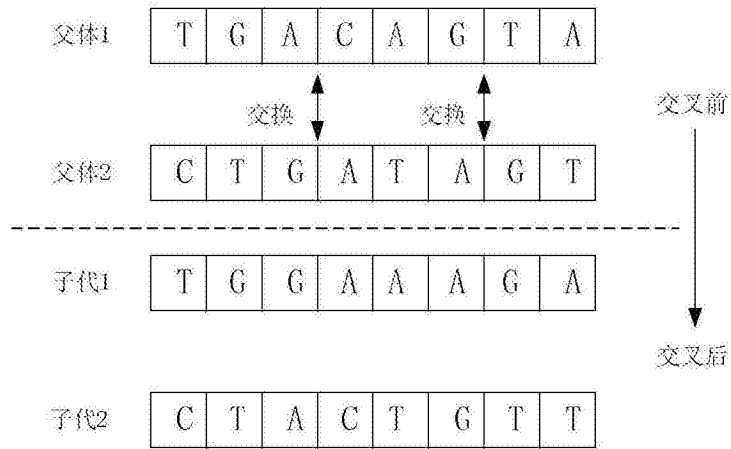


图2

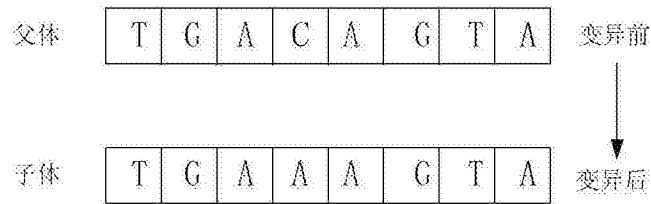


图3

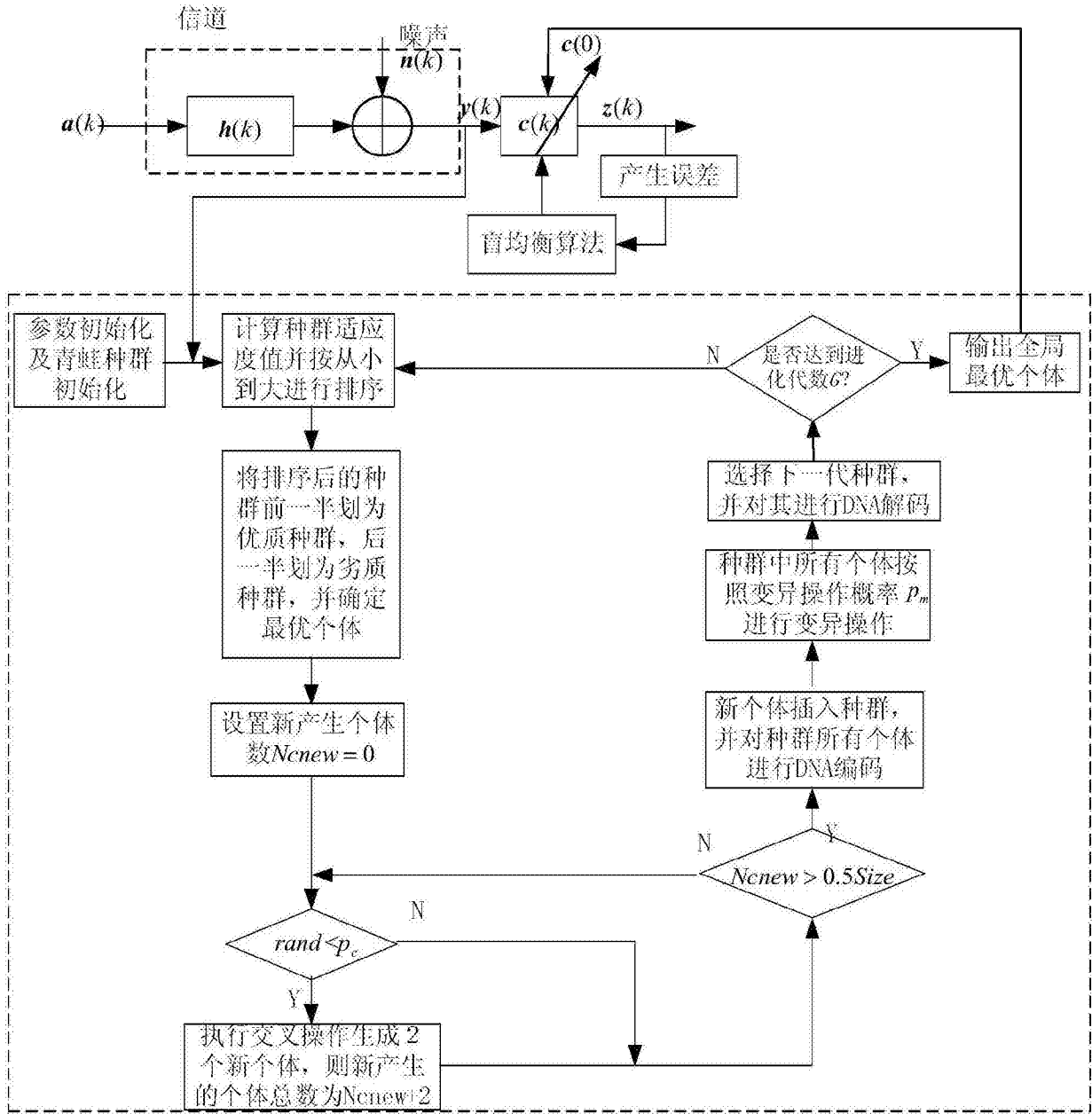


图4

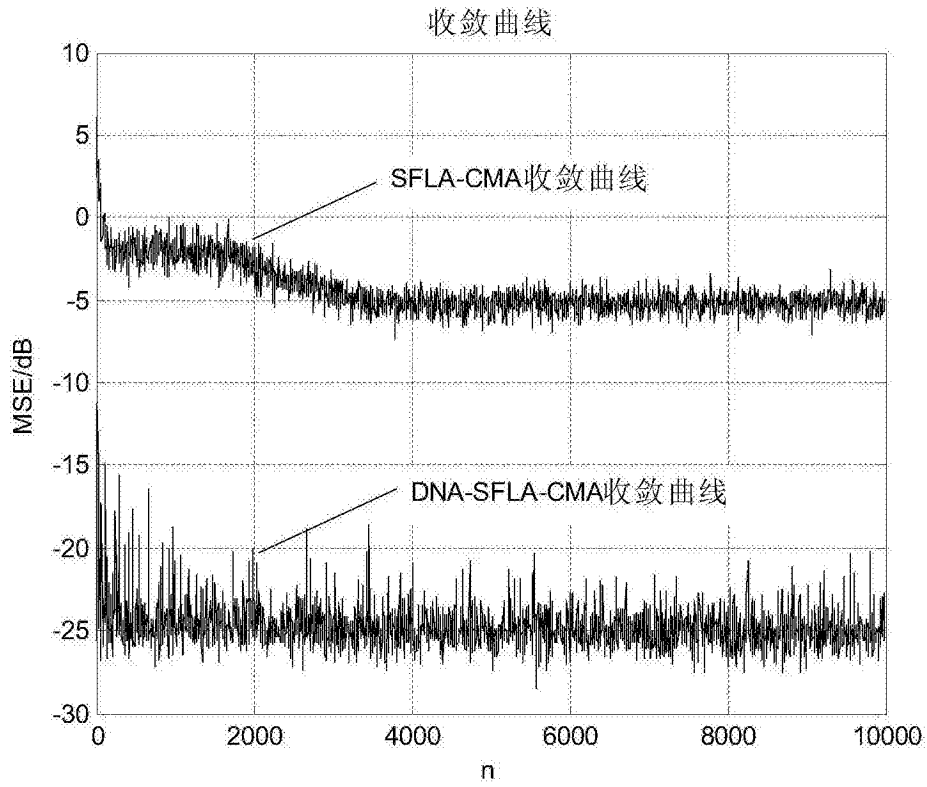


图5

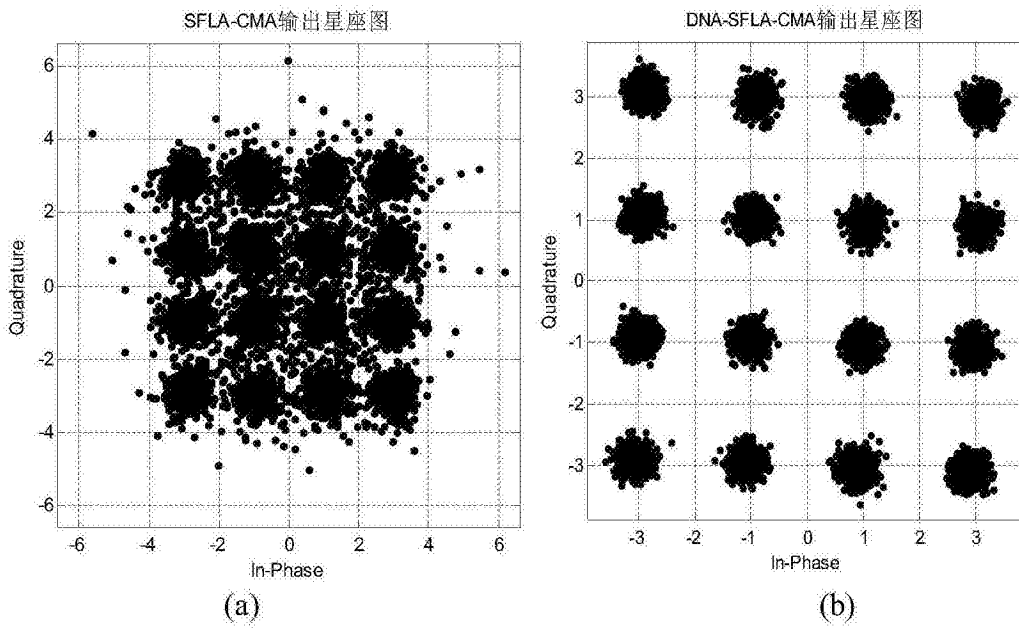


图6