

基于硬判决的多用户检测遗传算法改进*

Improvement of Genetic Algorithm of Multiuser Detection Based on Hard Decision

陈建玲,覃团发,黄海星

Chen Jianling, Qin Tuanfa, Huang Haixing

(广西大学计算机与电子信息学院,广西南宁 530004)

(Coll. of Comp. & Elec. Info., Guangxi Univ., Nanning, Guangxi, 530004, China)

摘要:针对多用户检测中基于遗传算法的种群初始化不足,充分利用有用的边信息,结合传统匹配滤波器的硬判决,提出一种更为合理的种群个体初始化结构,改进了异步 CDMA 系统中多用户检测的遗传算法。仿真结果表明,改进后的种群个体初始化结构减少算法早熟收敛带来的影响,使搜索能更快地向最优解靠近,弥补了简单遗传算法自身的盲目性,加速了算法的收敛速度,实现了异步系统下高效、快速的多用户检测。

关键词:遗传算法 码分多址 多用户检测 硬判决 快速收敛

中图分类号:TN929.533 文献标识码:A 文章编号:1002-7378(2005)03-0173-04

Abstract: A more reasonable initialization structure for improving genetic-algorithm-based multiuser detection is proposed. The simulation results show that the improved initialization structure can reduce the impact of premature convergence. At the same time, it makes full use of the useful edge information and combines the hard decision taken from traditional matched filters. It overcomes the blindness of simple genetic algorithm, and makes the searching quickly close to the optimal solution, and improves the convergence rate.

Key words: genetic algorithm, code-division multiple access, multiuser detection, hard decision, quickly convergent

码分多址(Code-Division Multiple Access,简称 CDMA)系统中的传统接收机是把多址干扰当成随机噪声来处理的,这种处理方式不能有效解决多址干扰问题,因此,设计适用于多用户通信系统的最优化接收机将变得很重要。最早的最佳多用户检测器性能虽是最好,但其计算复杂度随用户数增加呈指数增长,成为一个不可实现的 NP 问题。因此人们一直在努力寻求一种在复杂度与性能之间能取得较好折中的次优检测方案。近年来,许多学者提出一系列基于智能算法的次优多用户检测器^[1~4]。由于它们具有自学习和内在并行性等智能特点,与传统检测器相比有计算复杂度较低和运行速度较快的优势,其中基于遗传算法的次优多用户检测器由于其算法简单、复杂度较低且性能可接近最优检测而受到普遍关注。然而,遗传算法也有自身不可克服的缺陷,

如算法本身在搜索中具有不确定性^[2],收敛较慢,影响了实时性;易发生早熟收敛,影响算法的有效性等等。文献[1]提出在异步系统下基于遗传算法的多用户检测器。在此基础上,本文针对文献[1]的实现模型中的不足之处加以改进,减少算法早熟收敛带来的影响,同时充分利用有用的边信息,结合传统匹配滤波器的硬判决,使搜索能更快地向最优解靠近,在一定程度上弥补了简单遗传算法自身的盲目性,加速了算法的收敛速度,有利于实现高效、快速的多用户检测。

1 采用硬判决的异步 CDMA 接收模型

一个有 K 个用户的异步系统接收模型如图 1 所示。

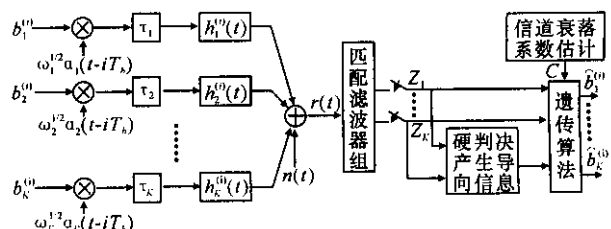


图 1 采用硬判决的异步 CDMA 系统接收模型

收稿日期:2004-12-28

修回日期:2005-04-19

作者简介:陈建玲(1979-),女,广西人,硕士研究生,主要从事移动通信研究。

* 广西“新世纪十百千人才工程”专项资金(批准号:2002222 号)和广西高校百中青年学科带头人项目(桂教人[2002]467 号)资助。

图1中, $b_k^{(i)}$ 表示第 k 个用户在第 i 时刻的比特值, ω_k 表示第 k 个用户的信号功率, $a_k(t - iT_b)$ 表示第 k 个用户的扩频码序列, τ_k 表示相对时延, 本文不考虑码间串扰, 不失一般性, 设延时 τ_k 满足下式

$$0 = \tau_1 < \tau_2 < \dots < \tau_K < T_b \quad (1)$$

其中, T_b 是一个比特间隔. 接收时, 采用观察窗的形式^[1] 逐比特接收. 窗宽 D 满足: $T_b \leq D < 2T_b$, 天线端接收信号为:

$$r(t) = a^T(t - T_b)\omega Cb + n(t), \quad (2)$$

其中, $a(t) = [a_1(t - \tau_1), \dots, a_K(t - \tau_K)]^T$ 是各用户的扩频码序列矩阵, $\omega = \text{diag}[\sqrt{\omega_1}, \sqrt{\omega_2}, \dots, \sqrt{\omega_K}]$ 是各用户信号幅值矩阵, $b = [b_1, b_2, \dots, b_K]^T$ 是各用户信息比特阵. 假设匹配滤波器组有理想的低通滤波性, 在经过匹配滤波器组并采样后得到的第 i 时刻的输出矩阵表达式为:

$$z^{(i)} = [z_1^i, z_2^i, \dots, z_K^i]^T = R(1)\omega c^{(i-1)}b^{(i-1)} + R(0)\omega c^{(i)}b^{(i)} + R^T(1)\omega c^{(i+1)}b^{(i+1)} + n(i), \quad (3)$$

根据文献[1] $b^{(i-1)}$ 取上一时刻的检测值, 这样, 对于第 i 时刻的接收机而言, $b^{(i-1)}$ 是已知的, 需要检测的是 $b^{(i)}$ 和 $b^{(i+1)}$. 这样, 基于由(3)式决定的观察矢量 $Z^{(i)}$, 所需要的目标函数为^[1]:

$$\Omega(b^{(i)}, b^{(i+1)}) = 2R\{B^T C W Z\} - B^T C W R W C^* B, \quad (4)$$

各矩阵分别为:

$$B = [b^{(i-1)T}, b^{(i)T}, b^{(i+1)T}]^T, W = \text{diag}[\omega, \omega, \omega], Z = [z^{(i-1)T}, z^{(i)T}, z^{(i+1)T}]^T, C = \text{diag}[c^{(i-1)}, c^{(i)}, c^{(i+1)}],$$

其中,

$$z^{(i-1)T} = R'(0)\omega c^{(i-1)}b^{(i-1)} + R^T(1)\omega c^{(i)}b^{(i)} + n^{(i-1)T}, \quad (5)$$

$$z^{(i+1)T} = R(1)\omega c^{(i)}b^{(i)} + R''(0)\omega c^{(i+1)}b^{(i+1)} + n^{(i+1)T}, \quad (6)$$

相关系数矩阵 R 可写为:

$$R = \begin{bmatrix} R'(0) & R^T(1) & 0 \\ R(1) & R(0) & R^T(1) \\ 0 & R(1) & R'(0) \end{bmatrix}, \quad (7)$$

对于种群中的每个个体 \bar{b}_p 而言, 它一共由 3 个比特向量构成, 即: $\bar{b}_p(y) = [\hat{b}_{p,SEB}^{(i-1)}, \bar{b}_p^{(i)}(y), \bar{b}_{p,EEB}^{(i+1)}(y)]$, 其中, $\hat{b}_{p,SEB}^{(i-1)}$ 表示前一时刻的比特向量, 称为起始边比特 (start edge bits, SEBs), $\bar{b}_p^{(i)}(y)$ 表示当前时刻比特向量, 称为期望比特 (desired bits, DBs), $\bar{b}_{p,EEB}^{(i+1)}$ 表示后一时刻的比特向量, 称为末端边比特 (end edge bits, EEBs)^[1], 每个个体长为 $3 \times K$. 由(4)式可知, 目标函数与 3 个比特向量均有关, 边比特的准确率将会影响期望比特检测的准确率, 因而, 对于 DBs 与 EEBs 均采用遗传算法进行检测^[1]. 这样, 待估测比特为:

$$b^{(i)}, \bar{b}^{(i+1)} = \arg\{\max[\Omega(b^{(i)}, b^{(i+1)})]\}. \quad (8)$$

2 改进后的算法及复杂度分析

2.1 改进后的算法

改进后的算法流程如图 2 所示.

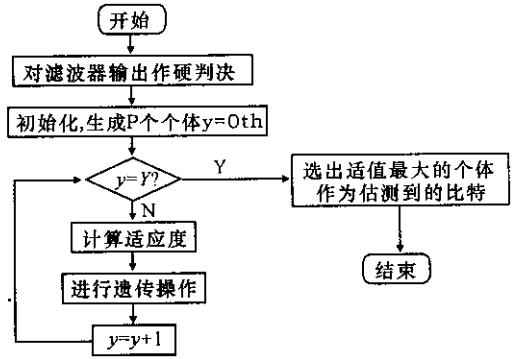


图 2 算法流程

算法步骤如下:

步骤 1: 对匹配滤波器输出作硬判决;

步骤 2: 对种群个体进行初始化, 假设种群规模为 P , 即个体总数为 P ;

步骤 3: 计算初始代个体的适应度值, 并进行排序;

步骤 4: 进行遗传操作. 具体来说包括:

(1) 选择. 本文采用轮盘赌法, 在交配池的 $T(0 < T < P)$ 个个体中选出两个父代个体. 设选择概率为 p_b .

(2) 交叉. 本文采用均匀交叉方式, 即先产生一个与个体等长的二进制数掩码 mask, 在掩码为 1 的地方交换两个个体对应位的二进制值. 设交叉概率为 p_c .

(3) 变异. 对新一代个体以概率 p_m 改变其二进制值.

保留优秀个体. 这是为了避免遗传算法因种群的多样性减少而出现“早熟”收敛所采用的策略, 即以父代解群中最好的解代替子代解群中的最劣解.

步骤 5: 判断是否满足程序终止条件, 若满足, 则程序结束, 以 $\hat{b}_j(Y) = \arg \max\{f[\bar{b}_1(Y)], \dots, f[\bar{b}_p(Y)]\}$ 作为所检测到的用户传输比特阵, 否则, 返回步骤 4.

2.2 算法复杂度分析

本文在文献[1]的基础上, 对算法的种群个体的初始化结构作了改进, 由于每个个体包括 3 个比特向量 SEBs、DBs、EEBs, 需要分别对它们进行初始化.

首先, 对于 SEBs, P 个个体的初始值均相同, 即取上一时刻的判决结果, $\hat{b}_{p,SEB}^{(i-1)} = \hat{b}^{(i-1)}$, for $p = 1,$

..., P ;

其次,由于 DBs 在文献[1]中是假设在遗传算法迭代终止时, $EEBs$ 错误率足够低,当前时刻种群中的 P 个个体的 DBs 初始值全部取上一时刻 P 个个体的 $EEBs$ 的检测值,即 $\bar{b}_p^{(i)}(0) = \bar{b}^{(i)}$ for $p = 1, \dots, P$. 这样做并不能保证接收机的有效性. 因为,遗传算法易出现早熟收敛^[2],即在未达到最优解时,种群多样性下降,各个体趋于大体相同从而导致无法继续进化的状态. 因为遗传操作的搜索有效性不仅与迭代数和种群规模有关,也与种群的多样性相关,种群个体差异越大,即多样性越好,搜索也就越有效^[2],为此,我们在对个体的 DBs 部分初始化时,并未全部采纳上一时刻的 $EEBs$ 值,而是只选出上一时刻中的最优个体,将其 $EEBs$ 值作为该时刻种群中某一个体的 DBs ,同时为了减少搜索盲目性,我们先对匹配滤波器的输出作硬判决,所得比特值,即 $\hat{b}^{(i)}$ 赋给种群中另一个个体的 DBs ,它可以作为导向信息引导搜索更快地向最优解靠近. 剩余的 $P - 2$ 个个体的 DBs 初始值则是完全随机产生的. 即:

$\bar{b}_{1,DB}^{(i)}(0) = \bar{b}_{best-EEB}^{(i)}(Y)$, 其中 $\bar{b}_{best-EEB}^{(i)}$ 指上一时刻最好个体的 $EEBs$ 比特向量, Y 指遗传迭代的最后一代;

$\bar{b}_{2,DB}^{(i)}(0) = \hat{b}_{hd}^{(i)}$, 其中 $\hat{b}_{hd}^{(i)}$ 指对该时刻的硬判决比特向量;

$\bar{b}_{p,DB}^{(i)}(0) =$ 随机产生的 ± 1 , for $p = 3, \dots, P$.

这样既继承了上一时刻搜索的有效值,又保证了本次种群的多样性以利于遗传搜索的进行从而得到更好的 DBs 检测值,同时由于加入了硬判决结果,可以引导搜索更快地向最优解靠近,提高检测的效率.

再者,由于 $EEBs$ 在文献[2]中采用了两种初始化方法(简称为 S_1 与 S_2). S_1 中, $EEBs$ 只是纯粹取硬判决的结果,并不采用遗传算法进行检测,也不存在所谓初始化的问题,因而在整个检测过程中个体的 $EEBs$ 部分是固定不变的,都保持硬判决这个结果,这样,由于 $EEBs$ 错误率较高导致 DBs 的误判决率也较高; S_2 中, $EEBs$ 与 DBs 同时采用遗传算法进行检测,根据其流程,在初始代时, $EEBs$ 完全随机生成;综合两者,我们同时对 DBs 与 $EEBs$ 利用遗传算法进行检测,但在对 $EEBs$ 初始化时,只对其中一个个体采用硬判决结果,而余下的 $P - 1$ 个个体其 $EEBs$ 则完全随机生成. 即:

$\bar{b}_{1,EEB}^{(i+1)}(0) = \hat{b}_{hd}^{(i+1)}$, 其中, $\hat{b}_{hd}^{(i+1)}$ 是指在观察窗内对第 $i + 1$ 时刻的硬判决比特向量值.

$\bar{b}_{p,EEB}^{(i)}(0) =$ 随机产生的 ± 1 , for $p = 2, \dots, P$.

简而言之,通过对初始化结构的改善,可以避免算法由于上一时刻早熟收敛而导致下一时刻的检测失效,此外,将硬判决值与遗传算法很好地结合在一起,在检测中充分利用有用的边信息,加快了搜索的收敛速度. 此外,基于遗传算法的多用户检测,它最多只需要计算 $Y \times P$ 次适应度值,由于采用了硬判决搜索导向,算法收敛更快,在同等误码率性能下, Y, P 值还可以取得更小,计算复杂度将大大降低.

3 仿真结果及分析

从误码率及收敛性两方面来分析算法的性能. 图 3、图 4 是在 Rayleigh 衰落信道下的仿真结果,其中的 m_1 表示本文方法, m_2 表示不采用硬判决搜索导向的简单遗传算法, P 代表种群规模, Y 代表最大世代数.

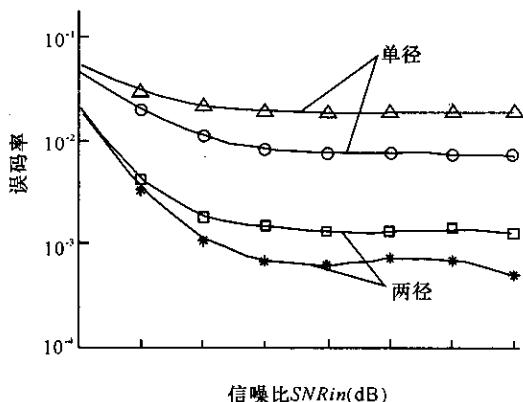


图 3 Rayleigh 信道中误码率性能比较
 \odot : $m_1, P = 20, Y = 10$; \triangle : $m_2, P = 20, Y = 10$; \times : $m_1, P = 20, Y = 15$; \square : $m_2, P = 20, Y = 15$

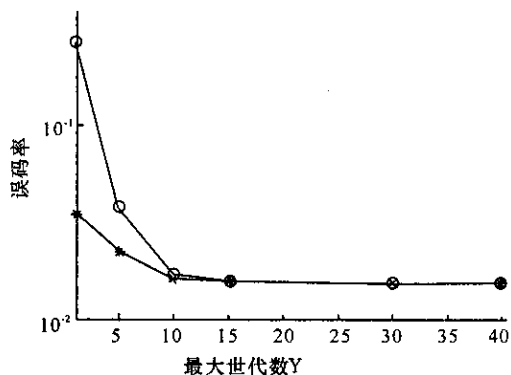


图 4 单径 Rayleigh 信道下算法的收敛性能比较
 用户数 $k = 10$, 信噪比 $SNR = 10$ dB, \times : $m_1, P = 40$; \odot : $m_2, P = 40$

由图 3 可见,当计算复杂度相等时,不论是在单径衰落还是两径衰落下,算法 m_1 的误码率性能均要优于算法 m_2 . 这是因为在种群规模与迭代世代数较小的情况下, m_2 极易陷入局部解,而在 m_1 中,由

硬判决产生的导向信息对搜索具有启发作用,可引导搜索较快的靠近最优解,获得更优的性能。

由图4可见,在种群数相等的情况下, m_1 的误码率随世代数的增加迅速下降,收敛更快,计算量更少。这对于实际应用中提高接收机的实时性尤为重要。

以上2个仿真结果表明,通过改善种群初始化的结构,减少早熟收敛带来的影响,同时结合传统接收机的硬判决,充分利用其有效信息进一步减少遗传搜索的盲目性,加快了收敛速度,真正实现了高效、快速的多用户检测。

4 结束语

多项研究表明,遗传算法是处理非线性复杂系统优化问题的一种优秀的工具,把它运用于多用户检测也必将取得良好的应用前景,但由于遗传算法是一种通用的问题求解方法,针对性不强,而且它本身存在着一些缺陷,比如易发生早熟收敛等,导致了它在求解某些特定问题时效率不高,必须根据实际情况,结合问题的相关知识去应用才能获得较好的效果^[5]。本文主要在文献[1]的基础上,通过对种群初始化结构的改进,减少了因早熟收敛带来的影响,同时我们把传统接收机与简单遗传算法很好的结合

起来,在算法中引入了硬判决搜索导向,加快了算法收敛速度。仿真表明,该方法有利于在低复杂度下实现快速、高效的多用户检测。

致谢

在此对英国皇家工程院院士南安普敦大学电子学与计算机科学系 Lajos Hanzo 教授的帮助表示衷心感谢。

参考文献:

- [1] Yen K, Hanzo L. Genetic algorithm assisted multiuser detection in asynchronous CDMA communications[A]. ICC 2001-IEEE International Conference on Communications[C], Orlando, Florida, USA, 2001. 826-830.
- [2] 王小平,曹立明. 遗传算法——理论、应用与软件实现[M]. 西安:西安交通大学出版社,2001.
- [3] Yen K, Hanzo L. Hybrid genetic algorithm based detection schemes for synchronous CDMA systems[A]. Proc 51st IEEE Vehicular Technology Conf [C], Tokyo, Japan, 2000. 1400-1404.
- [4] Yen K, Hanzo L. Antenna-Diversity-Assisted Genetic-Algorithm-Based multiuser detection schemes for synchronous CDMA systems[J]. IEEE Transactions on Communications, 2003, 51(3): 366-370.
- [5] 唐湘义,覃团发,陈跃波. LBER 多用户检测算法性能的研究[J]. 无线电通信技术, 2003, 29(6): 41-43.

(责任编辑:黎贞崇)

(上接第168页)

以学习职业生涯规划的基本知识并有机会在人事部门专业人员的帮助下分析自身的情况,形成较为现实的职业目标。转制科研院所的人事管理部门还可以利用类似职业咨询的形式,使员工和管理者根据自己的职业目标来评价职业进展情况,同时确认还需要在哪些方面进行职业开发活动。

3.5 更新和营造良好的文化氛围

处于改革阶段的科研院所人事部门更要注重组织文化的建设工作,并且将人力资源策略、政策与组织文化活动进行配合。一是对改革措施多做解释工作,从员工被动改革,到让员工理解改革并支持改革;二是打通信息传播通道,让单位高层的声音直接传送到职工。例如,可以采用局域网将高层的重要通知直接发给每一个人,这样就可以避免传递延迟或失真,同时避免了改革中最常见的谣言四起、人心惶惶的局面。三是增加人事管理工作的透明度,能公开的尽量公开。四是在全面改革中,一些单位原有的、仍适用的核心理念要坚持,改革不能推倒重来,要有一个延续的过程。每个单位因其特殊的环境和内在

因素影响,往往有一种“底蕴”,这种底蕴要进行一分为二的分析和扬弃。

目前,世界经济正在步入一个以人才和智力为支撑的新时代,经济发展的速度和质量越来越取决于人力资源开发的广度和深度。在新世纪、新形势下,转制科研院所一定要努力利用人力资源开发的有效途径和策略,为2010年我国基本实现现代化提供有力的人才支持和智力保障。

参考文献:

- [1] 邓小平. 邓小平文选(第三卷)[M]. 北京:人民出版社, 1993. 108.
- [2] 苏东斌. 激励创造供给[M]. 北京:中国经济出版社, 2001. 222-223.
- [3] 理查德·豪伊. 边际效用学派的兴起[M]. 北京:中国社会科学出版社, 1999.
- [4] 林用三. 中国人力资源开发利用战略研究[A]. 中国劳动科学研究报告集(2002年度)[C]. 北京:中国劳动社会保障出版社, 2004, 299-375.
- [5] 马俊孝. 论人才资源开发[J]. 昌维师专学报, 2002, 19(1): 58-67.
- [6] 符泽卫,段万春,王英. 浅析转制科研院所人力资源开发[J]. 经济问题探索, 2004, 11(7): 67-69.

(责任编辑:邓大玉 韦廷宗)