

基于细菌群体趋药性的有序盲信号分离算法

陈雷^{1,2}, 张立毅^{1,2}, 郭艳菊³, 赵俊青¹, 李铨²

(1. 天津商业大学 信息工程学院, 天津 300134; 2. 天津大学 电子信息工程学院, 天津 300072;

3. 河北工业大学 信息工程学院, 天津 300401)

摘 要: 提出了一种基于细菌趋药性的细菌群优化算法。将探测判断策略和优势细菌随机扰动策略引入细菌群体的进化过程, 解决了细菌个体在进化后期处于随机摄动状态而难以定位于全局最优位置的问题。通过使用测试函数对算法性能进行测试以及同其他算法的比较表明, 所提出的算法在收敛速度和求解质量方面均有很好的性能。进一步将细菌群优化算法应用于解决盲信号分离问题, 实现了对源信号的逐一有序盲分离。仿真实验表明, 基于细菌群优化算法的盲信号分离算法具有很好的分离效果, 可以将源信号按照其规范四阶累积量绝对值的降序进行有效分离。

关键词: 细菌趋药性; 群体方式; 规范四阶累积量; 有序盲信号分离

中图分类号: TN911.7

文献标识码: A

文章编号: 1000-436X(2011)04-0077-09

Sequential blind signal separation algorithm based on bacterial colony chemotaxis

CHEN Lei^{1,2}, ZHANG Li-yi^{1,2}, GUO Yan-ju³, ZHAO Jun-qing¹, LI Qiang²

(1. School of Information Engineering, Tianjin University of Commerce, Tianjin 300134, China;

2. School of Electronic Information Engineering, Tianjin University, Tianjin 300072, China;

3. School of Information Engineering, Hebei University of Technology, Tianjin 300401, China)

Abstract: A bacterial colony optimization algorithm based on bacterial chemotaxis was proposed. Detection determination strategy and random perturbation strategy was led in the process of bacterial colony evolution for solving the difficulty of locating on global optimal position because of the random move state of the bacteria in later period of evolution process. The bacterial colony optimization algorithm proposed has excellent performance in convergence speed and solution quality by comparing with other algorithm using test function. Furthermore, the bacterial colony optimization algorithm proposed was used for solving blind signal separation problem and the sequential blind separation for source signal was realized. Simulation results show that the blind separation algorithm based on bacterial colony optimization algorithm has excellent separation effectiveness. Source signal can be separated efficiently according to the order of their absolute value descending of normalized fourth-order cumulant.

Key words: bacterial chemotaxis; colony mode; normalized fourth-order cumulant; sequential blind signal separation

收稿日期: 2010-10-09; 修回日期: 2011-02-11

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60802049); 天津市高校科技发展基金资助项目(20080710)

Foundation Items: The National Natural Science Foundation of China (60802049); The University Technology Development Foundation of Tianjin (20080710)

1 引言

盲信号分离是指从观测到的多个混合信号中分离出源信号的方法。在进行盲信号分离时，首先要确定分离的目标函数，然后采用某种优化方法对其进行优化，从而得到分离矩阵或分离向量。常用的优化方法是梯度算法，但需要解决非线性函数的选取问题，且对于多极值问题的优化，易收敛于局部极值。近年来，基于生物进化行为的智能优化算法得到越来越多的重视，众多学者对遗传算法 (GA)^[1,2]、蚁群算法 (ACA)^[3,4]、粒子群优化 (PSO) 算法^[5]等都进行了深入研究。

将智能优化算法应用于目标函数的优化，可以避免非线性函数的使用并能搜索到全局极值点。本文在 Muller^[6]提出的单细菌趋药性优化方法的基础上，结合细菌聚群现象^[7]和中心点吸引策略^[8]提出了一种基于探测判断和优势细菌随机扰动策略的细菌群优化算法。在采用测试函数验证了本算法有效性的基础上，将其应用于解决盲信号分离问题，得到了一种基于细菌群优化算法的有序盲信号分离算法，成功实现了对源信号为亚高斯信号、超高斯信号以及亚、超高斯混合信号等不同类型信号的有序盲分离，并取得了很好的分离效果。

2 细菌群优化算法

细菌是目前地球上存在的最简单的生物之一，它们感受外界环境信息，并使自己适应环境而获得生存。细菌趋药性 (BC, bacterial chemotaxis) 优化算法^[6]是一种模拟细菌在营养剂环境中觅食的运动行为来进行函数优化的新算法。BC 算法原理简单、顽健性好，是一种非常具有研究潜力的智能优化算法。

2.1 单细菌优化算法

BC 算法把单一细菌看作一个感知周围环境信息变化的个体，利用这些信息寻找目标函数的极值点。细菌在营养剂的作用下，会进行下述反应活动：收集信息、进行移动、在移动过程中不断修正移动距离和旋转角度、找到目标函数极值点。此处以二维模型为例进行 BC 算法的原理描述。

单细菌 BC 算法的原理^[6]。

1) 待优化问题为求解目标函数 $f(x_1, x_2)$ 的极小值。

2) 设定细菌的移动速度 v 。

3) 细菌在新方向上运动的持续时间 τ 服从指数概率密度分布：

$$\tau \sim \frac{1}{T} e^{-\tau/T} \quad (1)$$

其中，均值 $\mu_\tau = T$ ；方差 $\sigma_\tau^2 = T^2$ 。T 的值依据式 (2) 确定。

$$T = \begin{cases} T_0 & , \frac{f_{pr}}{l_{pr}} \geq 0 \\ T_0 \left(1 + b \left| \frac{f_{pr}}{l_{pr}} \right| \right) & , \frac{f_{pr}}{l_{pr}} < 0 \end{cases} \quad (2)$$

其中， f_{pr} 为细菌上一位置和当前位置的目标函数值的变化量； T_0 为最小平均移动时间； l_{pr} 为连接细菌上一位置和当前位置的向量的长度； b 为待定参数。

4) 细菌运动的新方向与原方向路线的夹角为 α ， α 服从 2 个高斯概率分布的叠加，其中向右转时概率分布函数的均值为 μ_α ，向左转时为 $-\mu_\alpha$ 。

$$\alpha \sim \frac{1}{2} [N(\mu_\alpha, \sigma_\alpha^2) + N(-\mu_\alpha, \sigma_\alpha^2)] \quad (3)$$

其中，均值 μ_α 和方差 σ_α^2 分别为

$$\mu_\alpha = \begin{cases} 62^\circ & , \frac{f_{pr}}{l_{pr}} \geq 0 \\ 62^\circ (1 - \cos \theta) & , \frac{f_{pr}}{l_{pr}} < 0 \end{cases} \quad (4)$$

$$\sigma_\alpha = \begin{cases} 26^\circ & , \frac{f_{pr}}{l_{pr}} \geq 0 \\ 26^\circ (1 - \cos \theta) & , \frac{f_{pr}}{l_{pr}} < 0 \end{cases} \quad (5)$$

其中， $\cos \theta = e^{-\tau_c \tau_{pr}}$ ， τ_c 为相关时间， τ_{pr} 为细菌前一次的运动时间。

算法中包含的最小平均移动时间 T_0 、与维数无关的参数 b 、相关时间 τ_c 等参数的确定方法如下：

$$T_0 = \varepsilon^{0.30} 10^{-1.73} \quad (6)$$

$$b = T_0 (T_0^{-1.54} 10^{0.60}) \quad (7)$$

$$\tau_c = \left(\frac{b}{T_0} \right)^{0.31} 10^{1.16} \quad (8)$$

其中， ε 为计算精度。

5) 计算细菌的新位置。

$$\bar{x}_{\text{new}} = \bar{x}_{\text{old}} + \bar{n}_u d \quad (9)$$

其中, \bar{n}_u 是代表新路线方向的单位向量, $d = v\tau$ 为细菌在新路线上的移动距离。

从单细菌 BC 算法的具体步骤可以看出, 在函数优化过程中, 细菌利用其自身上一点和当前点的位置信息来确定下一步的运动行为。图 1 是采用单细菌优化算法搜索函数 $f(x_1, x_2) = (x_1 - 1)^2 + (x_2 - 1)^2$ 极值点的运动轨迹图。

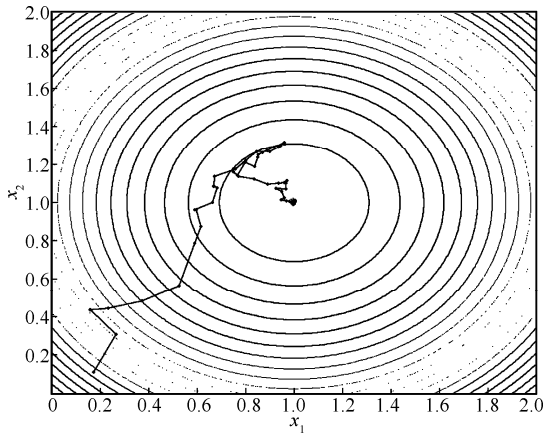


图 1 单细菌 BC 算法搜索函数极值点的运动轨迹

函数 $f(x_1, x_2)$ 为一个二维单峰函数, 从图中细菌的运动轨迹可以看出, 单细菌 BC 算法在进行函数优化时, 通过细菌的运动行为最终可以到达函数的极值点 (1, 1) 附近。但单细菌的运动方向并不能理想地沿着函数梯度的方向进行, 在搜索极值过程中, 需要在搜索范围内通过对多点的探测来修正自己的运动方向和移动距离。

由于运动方向的修正依赖于旋转角度 α 的确定, 而 α 的计算与概率密度函数有关, 这会给算法寻优带来一定的不确定性, 导致收敛速度较慢。而且当细菌到达极值点附近时, 由于函数值的梯度变化很小, 细菌的运动接近于随机摄动而很难定位于极值点, 从而导致搜索精度不高。

针对单细菌 BC 算法所存在的上述问题, 本文提出一种带探测判断和优势细菌随机扰动的细菌群优化算法——DPBCC (detection perturbation bacterial colony chemotaxis) 算法。

2.2 DPBCC 算法

自然界中的生物多是以群体方式生存和发展的。除了每个生物个体具有探索能力外, 群体之间的信息交流也会起到非常重要的作用。Passino 在文献[7]中指出, 细菌在觅食过程中也会存在信

息交流和群体聚集的现象。通过信息交换, 能够使整个群体更好更快地寻找到食物, 从而保证整个种群的生存。

当引入种群思想后, 需要解决细菌之间的信息交互问题。在每个细菌根据自身经验确定下一步移动位置后, 还应由其他细菌为其提供指导性建议。因此, 可以采用周围具有更好位置的细菌的中心点对此细菌进行吸引^[8]。

中心点吸引策略如下^[8]。

1) 在移动步数为 l 时的细菌 m 附近有更好位置的其他细菌的中心点由下式确定:

$$\text{center}(\bar{x}_{m,l}) = \text{aver}(\bar{x}_{n,l} | f(\bar{x}_{n,l}) < f(\bar{x}_{m,l})) \quad (10)$$

其中, $\text{aver}(\cdot)$ 代表对 (\cdot) 内的所有位置向量取平均值。细菌 m 将以距离 $\text{rand}(\cdot) \cdot \text{dis}(\bar{x}_{m,l}, \text{center}(\bar{x}_{m,l}))$ 移向中心位置 $\text{center}(\bar{x}_{m,l})$ 。 $\text{dis}(\cdot)$ 代表求两点之间的距离。 $\text{rand}(\cdot)$ 为 $(0, 2)$ 之间服从均匀分布的随机数。

2) 细菌根据自身信息按照 BC 算法确定的新位置为 $\bar{x}_{m,l+1}^1$, 根据中心点吸引确定的新位置为 $\bar{x}_{m,l+1}^2$, 计算位置 $\bar{x}_{m,l+1}^1$ 和位置 $\bar{x}_{m,l+1}^2$ 的函数值。如果 $f(\bar{x}_{m,l+1}^1) < f(\bar{x}_{m,l+1}^2)$, 细菌就在 $l+1$ 步移向位置 $\bar{x}_{m,l+1}^1$, 否则就移向位置 $\bar{x}_{m,l+1}^2$ 。

在引入中心点吸引思想后, 可以利用细菌群体的判断能力, 实现各细菌相互之间的信息交流。但通过分析中心点吸引策略会发现, 每个细菌每次进化必然会移动到一个新的位置, 第 $l+1$ 步的新位置实际为位置 $\bar{x}_{m,l+1}^1$ 和位置 $\bar{x}_{m,l+1}^2$ 中的较优者。而新位置未必就会优于细菌第 l 步所处的位置, 从而导致优势位置的丧失, 而使细菌群中的细菌个体在进化过程中一直处于运动状态而难以定位于全局最优位置。

因此, 本文提出将探测判断和优势细菌随机扰动 2 种策略引入细菌群的进化过程, 在解决细菌定位问题的同时, 提高了算法的收敛精度和克服局部收敛的能力。

1) 探测判断策略。

对处于移动步数 l 的第 m 个细菌进行下一个移动位置的确定时, 首先根据细菌个体自身的搜索能力探测到第 $l+1$ 步移动的备选位置 $\bar{x}_{m,l+1}^1$, 然后根据中心点吸引原则得到 $\bar{x}_{m,l+1}^2$; 比较 2 个备选位置和细菌当前位置的目标函数值, 选择 3 者中最优位置作为下一步移动的新位置。这有利于防止在种

群进化后期,细菌受外界吸引和自身搜索行为随机性的影响而产生盲目摄动,无法快速收敛于最优位置的问题。

2) 优势细菌随机扰动策略。

在细菌群进化后期,一些细菌会处于较优位置,此时每个细菌根据自身搜索能力和中心点吸引所找到的新位置的目标函数值可能均差于细菌当前位置,这会导致这些细菌停滞不前,增加了群体陷入局部极值的可能。针对此问题,提出优势细菌随机扰动策略:在确定细菌下一步的新位置时,针对处于优势位置的细菌,若发现其通过自身探测和中心点吸引所得到的新位置均未优于当前位置而移动停滞时,对此细菌位置进行一个随机扰动。如果扰动后得到的新位置优于当前位置,则将此位置作为细菌下一步移动的新位置,否则仍使用当前位置作为下一步的新位置。这种扰动策略既可以防止细菌停滞于局部最优点,又可以防止由于扰动所导致的优势位置丧失。

通过在中心点吸引的基础上加入探测判断和优势细菌随机扰动 2 种策略,克服了单细菌 BC 算法搜索速度慢和易陷入局部收敛的缺点,得到了一种性能更优的细菌群优化算法,其性能将在后面仿真部分通过对测试函数的优化测试予以证明。

3 基于 DPBCC 算法的有序盲信号分离算法

盲信号分离的关键是目标函数的确定和优化算法的使用。本文采用信号的规范四阶累积量的绝对值作为目标函数,使用本文提出的 DPBCC 算法对目标函数进行优化,得到了一种性能优良的盲信号分离算法。

3.1 目标函数的选取

在进行盲信号分离时,逐次盲分离方法是通过每次分离出一路信号 y_i ,使其为某一源信号的估计,进而通过多次分离最终得到全部源信号的估计。

$$y_i(t) = \lambda_k s_k(t) \tag{11}$$

其中, $i=1,2,\dots,N$, $k=1,2,\dots,N$ 。其含义为:希望第 i 次分离出来的信号 y_i 为第 k 路源信号 s_k 的估计。因此需要通过算法确定分离向量 w_i ,从而使

$$y_i(t) = w_i x(t) \tag{12}$$

其中, w_i 为第 i 次分离行向量。

根据文献[9],独立源信号的盲分离等价于在约束条件为 $\|w_i\|=1$ 的情况下,最大化规范四阶累积量

$\bar{k}_4(y_i)$ 的绝对值。

$$\bar{k}_4(y_i) = k_4(y_i) / m_2^2 = E[y_i^4] / E^2[y_i^2] - 3 \tag{13}$$

即盲信号分离的目标函数可定义为

$$J(w_i) = |\bar{k}_4(y_i)|, \text{ s.t. } \|w_i\|=1 \tag{14}$$

利用数学中的球坐标变换原理^[10],可针对约束条件 $\|w_i\|=1$ 对分离向量 $w_i = [w_{i,1}, w_{i,2}, \dots, w_{i,N}]$ 进行变换得:

$$\begin{aligned} w_{i,1} &= \cos \theta_{i,N-1} \cos \theta_{i,N-2} \cdots \cos \theta_{i,2} \cos \theta_{i,1} \\ w_{i,2} &= \cos \theta_{i,N-1} \cos \theta_{i,N-2} \cdots \cos \theta_{i,2} \sin \theta_{i,1} \\ w_{i,3} &= \cos \theta_{i,N-1} \cos \theta_{i,N-2} \cdots \sin \theta_{i,2} \\ &\dots \\ w_{i,N-1} &= \cos \theta_{i,N-1} \sin \theta_{i,N-2} \\ w_{i,N} &= \sin \theta_{i,N-1} \end{aligned} \tag{15}$$

其中, $0 \leq \theta_{i,1}, \theta_{i,2}, \dots, \theta_{i,N-1} \leq 2\pi$ 。则盲信号分离的目标函数转化为

$$J(\theta_i) = |\bar{k}_4(y_i)|, \text{ s.t. } 0 \leq \theta_{i,1}, \theta_{i,2}, \dots, \theta_{i,N-1} \leq 2\pi \tag{16}$$

其中, $\theta_i = [\theta_{i,1}, \theta_{i,2}, \dots, \theta_{i,N-1}]$ 。

3.2 细菌参数编码与消源计算

细菌参数编码与分离问题中的信号数目有关,对于混合信号数目等于源信号数目的一般情况,当混合信号数目 $N=3$ 时,待求变量即为分离行向量 $w_i = [w_{i,1}, w_{i,2}, w_{i,3}]$ 中的 3 个元素。根据式 (15) 可得 $w_{i1} = \cos \theta_{i,2} \cos \theta_{i,1}$, $w_{i2} = \cos \theta_{i,2} \sin \theta_{i,1}$, $w_{i3} = \sin \theta_{i,2}$, 则对应的细菌参数编码为 $[\theta_{i,1}, \theta_{i,2}]$ 。

在确定了细菌参数编码之后,就可以采用 DPBCC 算法对目标函数进行优化,从而得到最大化目标函数的 w_i ,并计算得到分离信号 y_i 。在每分离出一路源信号后,需要通过消源处理将其成分从原混合信号中去除,然后再进行下一次分离。

令 y_p 为采用本文方法第 p 次分离出来的一路源信号, x_i^{p-1} 为第 p 次消源前的混合信号中的第 i 路信号,采用文献[11]的方法进行消源可得:

$$x_i^p(t) = x_i^{p-1}(t) - \frac{\text{cov}(x_i^{p-1}(t), y_p(t))}{\text{cov}(y_p(t), y_p(t))} y_p(t) \tag{17}$$

其中, $i=1,2,\dots,N$, $p=1,2,\dots,N-1$, $x_i^p(t)$ 为第 p 次消源后得到的第 i 路信号。通过对新的混合信号 $x^p(t) = [x_1^p(t), x_2^p(t), \dots, x_N^p(t)]^T$ 重复基于 DPBCC 算法的分离过程和消源计算即可得到所有源信号。在

实际算法操作中, 由于每次消源之后, 混合信号中的源信号成分会减少一路, 所以只需在第 p 次消源后得到的混合信号中选取 $N - p$ 路信号进行第 $p + 1$ 次分离计算即可。

由于在每一次分离过程中, 采用 DPBCC 算法均能搜索到目标函数的全局极值点, 因而每次分离出的信号均为此时混合信号中存在的规范四阶累积量绝对值最大的信号。所以, 通过多次分离和消源过程最终可以将所有源信号按照其规范四阶累积量绝对值的降序分离出来。

3.3 算法描述

基于 DPBCC 算法的有序盲信号分离算法的具体步骤如下。

步骤 1 对混合信号 $x(t)$ 进行白化和中心化操作。

步骤 2 根据混合信号中源信号的数量确定细菌维数和细菌编码。

步骤 3 在约束范围内随机产生一定数量的细菌, 初始化细菌的位置, 初始化参数 v 和 ε 。

步骤 4 对处在移动步数 l 的细菌 m , 根据 BC 算法确定新位置 $\bar{x}_{m,l+1}$; 根据中心点吸引策略确定新位置 $\bar{x}_{m,l+1}$ 。

步骤 5 从细菌 m 第 l 步时的位置 $\bar{x}_{m,l}$ 以及 $\bar{x}_{m,l+1}$ 和 $\bar{x}_{m,l+1}$ 中选择目标函数值最优的点作为其第 $l + 1$ 步的新位置。

步骤 6 如果选择了 $\bar{x}_{m,l+1}$ 或 $\bar{x}_{m,l+1}$ 作为细菌 m 第 $l + 1$ 步的位置, 进入步骤 8。

步骤 7 如果选择了 $\bar{x}_{m,l}$ 作为细菌 m 第 $l + 1$ 步的位置, 则对 $\bar{x}_{m,l}$ 进行随机扰动; 若扰动得到的位置优于 $\bar{x}_{m,l}$, 则选择扰动得到的位置作为细菌 m 第 $l + 1$ 步的位置; 否则仍然保留 $\bar{x}_{m,l}$ 作为第 $l + 1$ 步的位置。

步骤 8 重复步骤 4~步骤 7, 依次更新所有细菌位置。如果已经达到最大进化代数, 进入步骤 9; 否则返回步骤 4, 进行下一代进化的位置更新。

步骤 9 选择所有细菌中的最优细菌位置, 根据式 (15) 得到分离向量 w_i , 进而根据式 (12) 得到分离信号。

步骤 10 根据式 (17) 对混合信号进行消源计算, 得到新的混合信号 $x^p(t)$ 。

步骤 11 如果已经分离出所有源信号, 则停止计算; 否则, 返回步骤 2。

4 实验与分析

4.1 测试函数实验

为了考查 DPBCC 算法解决函数优化问题的能力, 本文选择 6 个已广泛应用于智能优化算法的性能评价中的测试函数进行优化实验, 并将 DPBCC 算法与 BC 算法、基本 PSO 算法和惯性权重下降的 PSO 算法 (WPSO) 的优化性能进行比较。其中前 3 个函数为单模态函数, 具有唯一极小点; 后 3 个函数为多模态函数, 具有多个局部极小点。函数表述、取值范围和函数理论极值见表 1。

表 1 测试函数

函数	取值范围	函数理论极值
$f_1(x, y) = x^2 + y^2$	[-50, 50]	0
$f_2(x, y) = x^4 + y^4$	[-50, 50]	0
$f_3(x, y) = \max(x , y)$	[-50, 50]	0
$f_4(x, y) = 20 + (x^2 - 10\cos(2\pi x) + y^2 - 10\cos(2\pi y))$	[-50, 50]	0
$f_5(x, y) = (x^2 + y^2)^{0.25} \cdot (\sin^2(50(x^2 + y^2)^{0.1} + 1.0))$	[-50, 50]	0
$f_6(x, y) = \frac{(\sin\sqrt{x^2 + y^2})^2 - 0.5}{(1 + 0.001(x^2 + y^2))^2} + 0.5$	[-50, 50]	0

采用 2 种性能指标来评价不同优化算法对测试函数的优化性能: 1) 固定进化代数情况下, 算法所得最优解、最劣解及平均解, 此指标可以在一定程度上体现出算法的搜索速度和精度, 文中选取 500 次作为固定进化代数; 2) 成功率和平均进化代数。成功率为不同算法进化到达设定阈值的次数占算法总运行次数的比例, 该指标可以体现算法的可靠性; 算法成功到达设定阈值的平均进化代数体现出算法的进化速度。DPBCC 算法的各项参数设置为: 菌群规模为 50, 细菌移动速度 $v = 1$, 搜索精度 $\varepsilon = 10^{-10}$; BC 算法中的细菌移动速度和搜索精度与 DPBCC 算法相同; PSO 算法的各项参数设置为: 粒子群规模为 50, $c_1 = c_2 = 2$ 。基本 PSO 算法中惯性权重值为 0.5, WPSO 算法中惯性权重值从 0.8 到 0.3 线性下降。

表 2 给出了 4 种算法在进化 500 代时优化测试函数的结果, 不同算法针对不同测试函数的独立实验次数为 30。可以看出, 对于函数 $f_1 \sim f_5$, DPBCC 算法均能达到满意的优化结果, 其平均解的精度均

表 2 500 代内 4 种算法所得最优最劣及平均优化结果

函数	算法	平均解	最优解	最劣解
f_1	DPBCC	3.3929×10^{-118}	0	1.0146×10^{-116}
	BC	6.6231×10^{-6}	5.5065×10^{-6}	4.0461×10^{-5}
	PSO	4.6252×10^{-80}	9.8243×10^{-85}	5.8662×10^{-79}
	WPSO	2.3393×10^{-68}	3.3005×10^{-71}	6.6223×10^{-68}
f_2	DPBCC	1.4302×10^{-303}	0	4.2905×10^{-302}
	BC	4.4129×10^{139}	1.4828×10^{-5}	1.3238×10^{141}
	PSO	9.7101×10^{-158}	1.2727×10^{-174}	5.3729×10^{-156}
	WPSO	4.8699×10^{-140}	1.6317×10^{-144}	1.4131×10^{-139}
f_3	DPBCC	7.4332×10^{-68}	8.7574×10^{-195}	2.2299×10^{-66}
	BC	2.892 035	0.025 812	7.014 615
	PSO	2.1088×10^{-40}	3.6214×10^{-43}	2.6479×10^{-39}
	WPSO	2.4079×10^{-35}	4.4277×10^{-38}	1.7001×10^{-34}
f_4	DPBCC	1.4822×10^{-16}	0	4.4464×10^{-15}
	BC	2.4904×10^2	16.827 3	5.4752×10^2
	PSO	0.089 697	0	0.994 959
	WPSO	0.033 165	0	0.994 959
f_5	DPBCC	3.5268×10^{-36}	0	4.6593×10^{-35}
	BC	2.895 612	0.749 235	4.227 056
	PSO	1.8170×10^{-20}	5.6064×10^{-22}	1.5283×10^{-19}
	WPSO	5.2462×10^{-18}	7.1767×10^{-19}	2.3190×10^{-17}
f_6	DPBCC	0.001 295	0	0.009 716
	BC	0.056 243	0.009 716	0.127 085
	PSO	0.006 106	0	0.009 716
	WPSO	0.003 506	0	0.009 716

高于其他 3 种算法。对于函数 f_6 ，由于所有算法均有收敛到局部极值点的情况，所以平均解的精度都会有所下降，但由于 DPBCC 算法的全局收敛性要优于其他 3 种算法，所以 DPBCC 算法的平均解仍要优于其他 3 种算法。因此，就整体而言，DPBCC

算法能在规定的进化代数内得到较为满意的结果。而 BC 算法由于为非群类算法，搜索过程类似于传统的梯度算法。因此对于简单的单模态函数 f_1 ，BC 算法可以得到较为满意的结果，而对于较为复杂的单模态函数 f_2 和 f_3 以及多模态函数 $f_4 \sim f_6$ ，BC 算法很难获得满意的结果。

表 3 所示为对 6 个函数进行优化时，不同算法的成功率和平均进化代数。对于所有测试函数阈值取为 10^{-5} ，当进化代数达到 2 000 次而仍未达到阈值精度时认为算法陷入局部极值而未成功，不同算法针对不同测试函数的独立实验次数为 30。对于单模态函数 f_1 、 f_2 和 f_3 ，DPBCC 算法、PSO 算法和 WPSO 算法均能达到 100% 的成功率。但 PSO 算法和 WPSO 算法的进化代数要明显超过 DPBCC 算法。对于 f_4 和 f_5 在整个取值区间内有无数局部极值点、且函数值反复剧烈振荡的较难优化的函数，DPBCC 算法均能达到 100% 的成功率。尽管 PSO 算法和 WPSO 算法对于函数 f_5 也取得了 100% 的成功率，但算法达到成功的进化代数均明显增多。因此，比较 3 种算法的进化代数，DPBCC 算法仍然具有优势。 f_6 函数的全局极小点被无穷多个局部极小点围绕，具有强烈的振荡特性。这使得对其进行优化的难度非常大。在对 f_6 函数的优化过程中，所有算法均未达到 100% 的成功率。但 DPBCC 算法的成功率达到了 90%，明显优于其他 3 种算法。而对于 BC 算法，由于其对于函数极值点的搜索仅能依靠单个细菌进行。因此，对于简单的单模态函数 f_1 ，BC 算法能够得到较为满意的结果。而对于单模态函数 f_2 、 f_3 和多模态函数 $f_4 \sim f_6$ ，BC 算法很难搜索到函数的全局极值。因此，从总体上看，DPBCC 算法在全局收敛性、进化代数和寻优结果的质量上均优于其他 3 种算法。

表 3 不同算法优化结果的成功率和平均进化代数

函数	DPBCC		BC		PSO		WPSO	
	进化代数	成功率	进化代数	成功率	进化代数	成功率	进化代数	成功率
f_1	7.03	100%	281.1	100%	25.15	100%	82.78	100%
f_2	4.17	100%	1 239.4	6.67%	11.92	100%	31.30	100%
f_3	12.83	100%	—	—	52.13	100%	189.73	100%
f_4	25.53	100%	—	—	51.96	88.1%	171.97	98%
f_5	32.07	100%	—	—	120.19	100%	395.37	100%
f_6	53.18	90%	—	—	77.08	48.2%	261.05	63.3%

4.2 盲信号分离实验

为了验证基于 DPBCC 算法的有序盲信号分离算法的有效性，分别对源信号为亚高斯信号、超高斯信号以及亚高斯和超高斯混合信号的盲分离进行了仿真实验。亚高斯信号采用方波和正、余弦信号，超高斯信号采用语音信号。采用随机产生的混合矩阵 A 对各类源信号进行混合。DPBCC 算法的各项参数设置为：菌群规模为 30，细菌移动速度 $v=1$ ，搜索精度 $\varepsilon=10^{-10}$ 。

$$A = \begin{bmatrix} 0.832\ 500\ 8 & 0.337\ 799\ 2 & 0.621\ 769\ 6 \\ 0.352\ 845\ 8 & 0.149\ 296\ 9 & 0.779\ 810\ 4 \\ 0.432\ 288\ 9 & 0.227\ 915\ 0 & 0.232\ 773\ 7 \end{bmatrix}$$

实验 1 亚高斯信号盲分离实验。

首先采用混合矩阵 A 对方波、正弦波及余弦波 3 个亚高斯信号进行混合，然后利用基于 DPBCC 算法的有序盲信号分离算法对混合信号进行盲分离，源信号、混合信号和分离信号分别如图 2(a)~图 2(c)所示。图 2(d)和图 2(e)为前两次分离过程中的细菌群进化曲线（取 30 次仿真的平均值）。由于在第二次信号分离计算之后，消源处理后剩下的两路信号中只含有最后一路未被分离出的源信号成分。因此，只需从其中任选一路信号作为第三路源信号的估计即可，而不必进行第三次分离计算。

实验 2 超高斯信号盲分离实验。

首先采用混合矩阵 A 对 3 个语音信号（超高斯信号）进行混合，然后利用基于 DPBCC 算法的有序盲信号分离算法对混合信号进行盲分离，源信号、混合信号和分离信号分别如图 3(a)~图 3(c)所示。

实验 3 混合类型信号盲分离实验。

首先采用混合矩阵 A 对 1 个语音信号（超高斯信号）、1 个正弦波信号（亚高斯信号）和 1 个余弦波信号（亚高斯信号）进行混合，然后利用基于 DPBCC 算法的有序盲信号分离算法对混合信号进行盲分离，源信号、混合信号和分离信号分别如图 4(a)~图 4(c)所示。

为了定量分析分离效果，采用相关系数的绝对值 ζ_{ik} 和重构信噪比 S/N 来评价本文算法的性能。相关系数的绝对值 ζ_{ik} 定义为^[12]

$$\zeta_{ik} = \zeta(y_i, s_k) = \frac{\left| \sum_{t=1}^q y_i(t) s_k(t) \right|}{\sqrt{\sum_{t=1}^q y_i^2(t) \sum_{t=1}^q s_k^2(t)}} \quad (18)$$

其中， s_k 为第 k 路源信号， y_i 为该路源信号的估计（分离信号）。当 $y_i(t) = \lambda_k s_k(t)$ 时， $\zeta_{ik} = 1$ 。 ζ_{ik} 的值越接近 1，表示分离信号与源信号的相似度高。

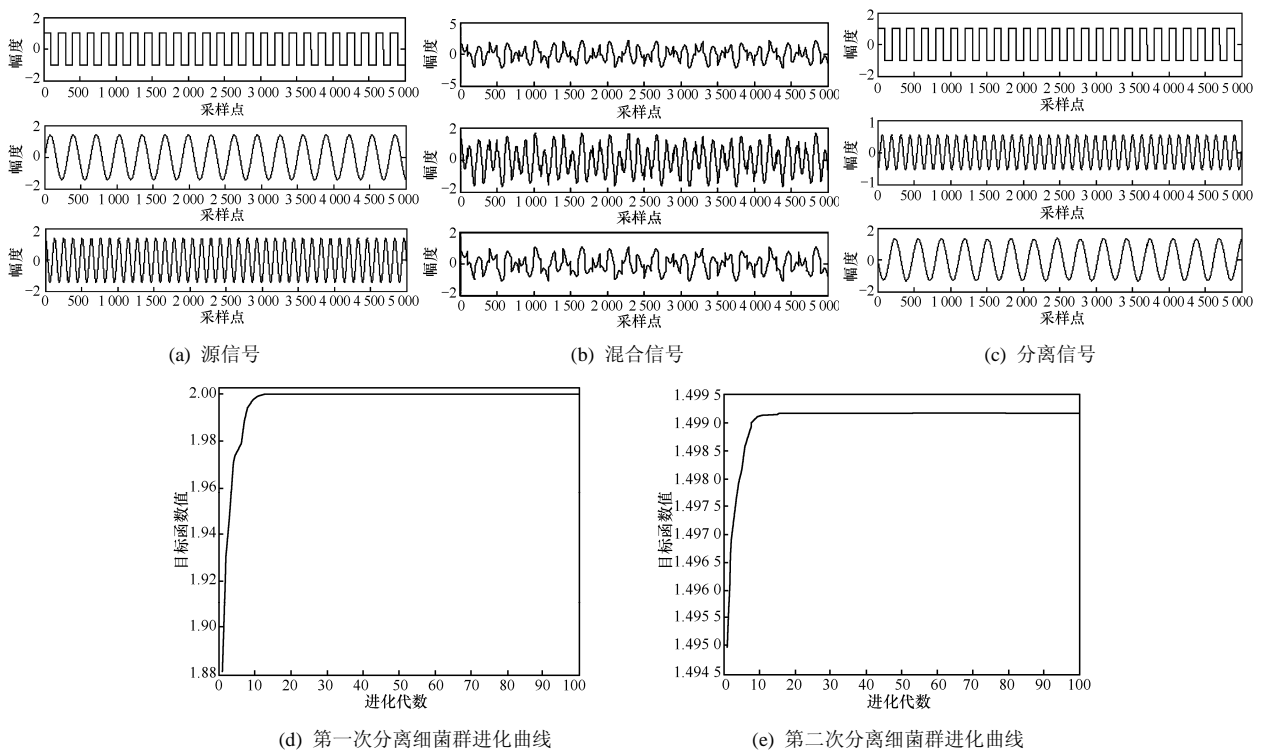


图 2 亚高斯信号盲分离实验结果

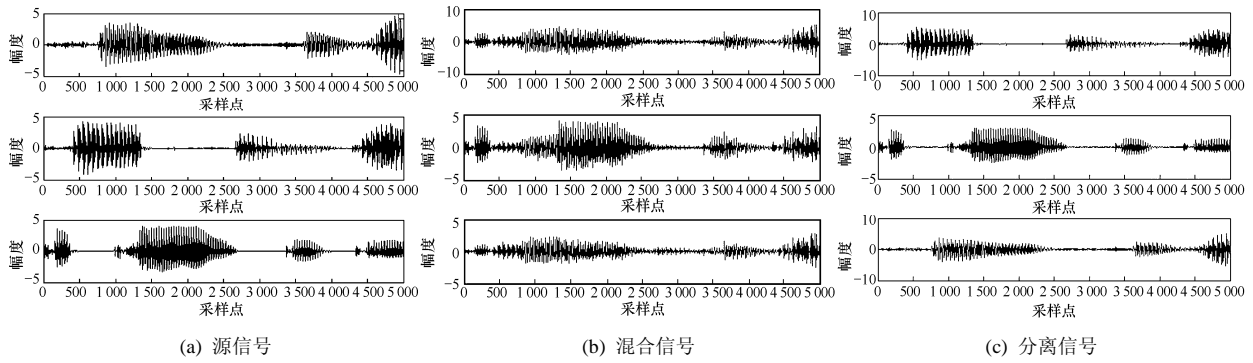


图 3 超高斯信号盲分离实验结果

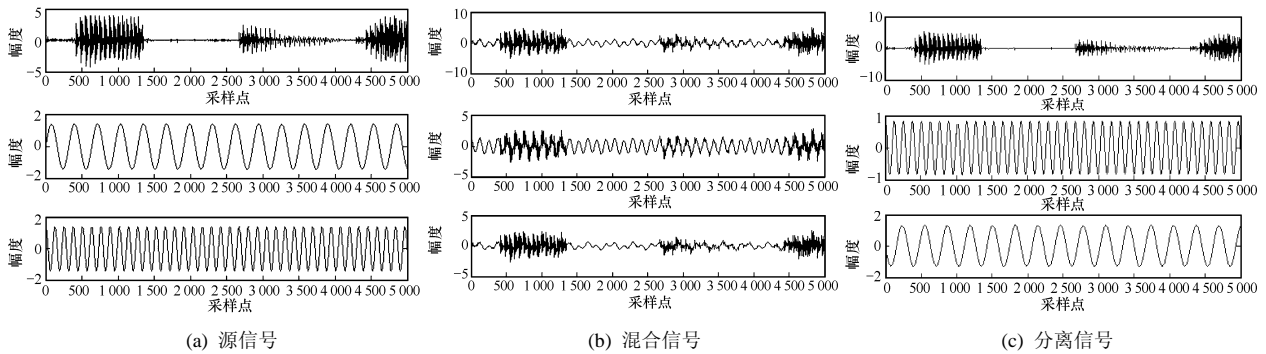


图 4 混合类型信号盲分离实验结果

表 4 分离信号与源信号的规范四阶累积量和性能分析

源信号类型	源信号规范四阶累积量	本文算法分离出信号规范四阶累积量	本文算法分离出信号与源信号相关系数绝对值	本文算法分离出信号与源信号的重构信噪比/dB
亚高斯信号 1	-1.999 983	-1.999 983	0.999 999	57.430 399
亚高斯信号 2	-1.497 299	-1.499 157	0.999 982	42.344 051
亚高斯信号 3	-1.499 324	-1.497 245	0.999 703	29.398 629
超高斯信号 1	3.900 028	5.581 607	0.999 991	47.327 906
超高斯信号 2	5.581 322	5.073 704	0.999 931	38.144 369
超高斯信号 3	5.071 986	3.890 754	0.998 602	26.066 895
混合类型信号 (超高斯信号) 1	5.581 322	5.581 847	0.999 974	42.714 807
混合类型信号 (亚高斯信号) 2	-1.497 299	-1.499 094	0.999 971	33.852 794
混合类型信号 (亚高斯信号) 3	-1.499 324	-1.497 081	0.999 904	35.357 098

重构信噪比 S/N 定义为^[13]

$$S/N = -10 \lg \frac{\|y_i - s_k\|^2}{\|s_k\|^2} \quad (19)$$

S/N 的值越大,表示分离信号与源信号的误差越小,分离效果越好。如表 4 所示为采用本文算法对上述不同混合信号进行盲分离的结果比较,表中数据为 30 次仿真实验的统计平均值。

通过观察图 2~图 4 并结合表 4 中的统计数据可

以发现,对于各种不同类型信号混合的盲分离问题,本文算法均能很好地恢复出源信号,分离信号与源信号的相关系数的绝对值均超过或接近 0.999,具有很高的分离精度。分离信号与源信号的重构信噪比均大于 25dB,说明分离信号与源信号的误差很小,具有很好的分离效果(根据文献[14],当重构信噪比 $S/N \geq 25\text{dB}$ 时,分离效果已经很好)。并且,本算法能够确保分离顺序为源信号规范四阶累积量绝对值的降序。另外,通过观察图 2(d)和图 2(e)

的细菌群进化曲线可以发现, 算法收敛速度很快, 在进化 20 代左右就已经收敛。

5 结束语

提出了一种基于探测判断策略和优势细菌随机扰动策略的细菌群优化算法, 经过对测试函数的实验证明, 该算法具有好的全局收敛性和搜索精度。进一步将该算法应用于解决盲信号分离问题, 采用信号的规范四阶累积量的绝对值作为目标函数, 利用细菌群优化算法对目标函数进行优化, 从而分离出源信号。通过对不同类型源信号混合后的盲分离实验证明, 本文提出的基于细菌群优化的盲信号分离算法可以按照规范四阶累积量绝对值降序的顺序实现对源信号的逐一分离, 且分离效果很好。

参考文献:

- [1] STADLTHANNER K, THEIS F J, LANG E W, *et al.* Hybridizing sparse component analysis with genetic algorithms for microarray analysis[J]. *Neurocomputing*, 2008, 71(10-12):2356-2376.
- [2] ADAMS R, CALCRAFT L, DAVEY N. Using a genetic algorithm to investigate efficient connectivity in associative memories[J]. *Neurocomputing*, 2009, 72(4-6):732-742.
- [3] JUANG C F, LU C M, LO C, *et al.* Ant colony optimization algorithm for fuzzy controller design and its FPGA implementation[J]. *IEEE Transactions on Industrial Electronics*, 2008, 55(3): 1453-1462.
- [4] ZHOU Y R. Runtime analysis of an ant colony optimization algorithm for TSP instances[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2009, 13(5):1083-1092.
- [5] ALRASHIDI M R, EL-HAWARY M E. A survey of particle swarm optimization applications in electric power systems[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2009, 13(4):913-918.
- [6] MULLER S D, MARCHETTO J, AIRAGHI S, *et al.* Optimization based on bacterial chemotaxis[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2002, 6(1):16-29.
- [7] PASSINO K M. Biomimicry of bacterial foraging for distributed optimization and control[J]. *IEEE Control Systems Magazine*, 2002, 22(3): 52-67.
- [8] 李威武, 王慧, 邹志君等. 基于细菌群体趋药性的函数优化方法[J]. *电路与系统学报*, 2005, 10(1): 58-63.
LI W W, WANG H, ZOU Z J, *et al.* Function optimization method based on bacterial colony chemotaxis[J]. *Journal of Circuits and Systems*, 2005, 10(1):58-63.
- [9] CICHOCKI A, THAWONMAS R, AMARI S. Sequential blind signal extraction in order specified by stochastic properties[J]. *Electronics Letters*, 1997, 33(1): 64-65.
- [10] 张筑生. 数学分析新讲(第二册)[M]. 北京: 北京大学出版社, 2000.
ZHANG Z S. *Mathematical Analysis of New Stresses*[M]. Beijing: Peking University Press, 2000.
- [11] 傅予力, 沈轶, 谢胜利. 基于规范高阶累积量的盲分离算法[J]. *应用数学*, 2006, 19(4): 869-876.
FU Y L, SHEN Y, XIE S L. Normalized cumulant of signal and higher order cumulant algorithm of blind source separation[J]. *Mathematica Applicata*, 2006, 19(4): 869-876.
- [12] 谢胜利, 何昭水, 高鹰. 信号处理的自适应理论[M]. 北京: 科学出版社, 2006.
XIE S L, HE Z S, GAO Y. *Adaptive Theory for Signal Processing*[M]. Beijing: Science Press, 2006.
- [13] BOFILL P, ZIBULEVSKY M. Underdetermined blind source separation using sparse representations[J]. *Signal Processing*, 2001, 81(11): 2353-2362.
- [14] 何昭水, 谢胜利, 傅予力. 稀疏表示与病态混叠盲分离[J]. *中国科学(E辑 信息科学)*, 2006, 36(8):864-879.
HE Z S, XIE S L, FU Y L. Sparse representation and blind separation of ill-condition mixed sources[J]. *Science in China (Ser E Information Sciences)*, 2006, 36(8):864-879.

作者简介:



陈雷(1980-), 男, 河北唐山人, 天津大学博士生、讲师, 主要研究方向为盲信号处理、智能计算等。



张立毅(1963-), 男, 山西忻州人, 博士, 天津商业大学教授, 天津大学博士生导师, 主要研究方向为盲信号处理、信号检测与处理等。

郭艳菊(1980-), 女, 河北邢台人, 河北工业大学博士生、讲师, 主要研究方向为智能计算、图像处理等。

赵俊青(1989-), 男, 山西忻州人, 天津商业大学学生, 主要研究方向为智能计算。

李铨(1974-), 男, 山西太原人, 博士, 天津大学副教授、硕士生导师, 主要研究方向为数字信号处理及其应用、图像信号及盲信号处理。