

# 基于改进遗传算法的矩阵联合对角化

王鼎 吴瑛

(解放军信息工程大学信息工程学院 郑州 450002)

**摘要:** 该文首先将矩阵联合对角化问题化简成一个只含有特征矩阵的优化问题, 为了便于求解, 文中将待求特征矩阵的每一列向量进行参数化处理, 并利用改进的遗传算法寻找最优的新参数。算法改进了染色体的选择, 交叉和变异概率, 并在交叉算子和变异算子中引入了模拟退火技术, 最后结合梯度算法进行局部寻优。计算机仿真结果验证了该算法的正确性和有效性。

**关键词:** 信号处理; 矩阵联合对角化; 遗传算法; 盲信号分离

中图分类号: TN911.7

文献标识码: A

文章编号: 1009-5896(2007)03-0578-04

## Joint Diagonalization of Matrix Based on Improved Genetic Algorithm

Wang Ding Wu Ying

(Institute of Information Engineering, Information Engineering University, Zhengzhou 450002, China)

**Abstract:** The paper simplifies the joint diagonalization of matrices into optimization problem which only includes the eigen matrix. For solving the problem conveniently, each row vector of the eigen matrix is parameterized, then utilizes the improved genetic algorithm to get the optimal parameter. The algorithm improves the choose of chromosome and probability of cross with variation, introduces simulated anneal technology into operator of crossing and variation. Finally it unifies the gradient algorithm to seek local optimality. The simulation result verify the algorithm.

**Key words:** Signal processing; Joint diagonalization; Genetic algorithm; Blind source separation

### 1 引言

在许多盲信号分离的问题中, 如ACMA<sup>[1]</sup>, JADE<sup>[2]</sup>, SOBI<sup>[3]</sup>, PARAFAC<sup>[4]</sup>等问题, 它们都有一个共同的数学问题——矩阵联合对角化, 它是标准矩阵特征分解问题的推广。假设有  $d$  个 Hermitian 矩阵  $\mathbf{Y}_i$  同时满足  $\mathbf{Y}_i = \mathbf{W}\mathbf{A}_i\mathbf{W}^H, i=1, 2, \dots, d$ , 其中  $\mathbf{A}_i$  为对角实矩阵,  $\mathbf{W}$  为特征矩阵, 矩阵联合对角化问题就是从已知的  $d$  个 Hermitian 矩阵  $\mathbf{Y}_i$  中估计出矩阵  $\mathbf{W}$ 。

如果只有两个无噪声矩阵  $\mathbf{Y}_1, \mathbf{Y}_2$ ,  $\mathbf{W}$  可以通过矩阵  $\mathbf{Y}_1(\mathbf{Y}_2)^{-1}$  的特征分解得到。当矩阵个数大于 2 个时, 从数值稳定性的角度, 希望能够利用每个矩阵, 并且尽量避免矩阵求逆, 同时由于实际的矩阵  $\mathbf{Y}_i$  受到有限采样数和噪声的影响, 使得上述等式不可能严格相同, 因此可将多个矩阵的联合对角化问题变成一个带有共性的优化问题:

$$J(\mathbf{W}, \mathbf{A}_1, \mathbf{A}_2, \dots, \mathbf{A}_d) = \sum_{k=1}^d \|\mathbf{Y}_k - \mathbf{W}\mathbf{A}_k\mathbf{W}^H\|_F^2$$

解决该优化问题的算法有许多, 已有的矩阵联合对角化算法包括基于最小二乘的联合对角化算法<sup>[5]</sup>, 基于子空间拟合的联合对角化算法<sup>[6]</sup>, 基于广义 Schur 分解的联合对角化算法<sup>[7]</sup>, 基于 Jacobi 迭代的联合对角化算法<sup>[8]</sup>, AC-DC 算法<sup>[9]</sup>。不难看出, 上述优化问题是个复杂的非线性优化问题。众所周知, 遗传算法是一种较稳健的全局寻优算法, 它对于复杂

的非线性、非结构性优化问题有很强的求解能力。传统的遗传算法在寻优过程中往往会有收敛速度慢和早熟现象, 本文通过改进传统的遗传算法来解决矩阵联合对角化问题。

### 2 简化的目标函数与解的参数化

#### 2.1 目标函数的简化

在引言中指出, 矩阵联合对角化问题就是如下的一个优化问题:

$$\arg \min_{\mathbf{W}, \mathbf{A}_k} \sum_{k=1}^d \|\mathbf{Y}_k - \mathbf{W}\mathbf{A}_k\mathbf{W}^H\|_F^2 \quad (1)$$

不失一般性, 令  $\mathbf{W}$  的每一列的模为 1, 即  $\|\mathbf{w}_k\|_2^2 = 1$

首先考虑如下的一个优化问题:

$$\min_{\mathbf{A}_k} \|\mathbf{Y}_k - \mathbf{W}\mathbf{A}_k\mathbf{W}^H\|_F^2 \quad (2)$$

利用向量化算子恒等式  $\text{vec}(\mathbf{ABC}) = (\mathbf{C}^T \otimes \mathbf{A}) \text{vec}(\mathbf{B})$ , 可以得到如下等式:

$$\|\mathbf{Y}_k - \mathbf{W}\mathbf{A}_k\mathbf{W}^H\|_F = \|\text{vec}(\mathbf{Y}_k) - \text{vec}(\mathbf{W}\mathbf{A}_k\mathbf{W}^H)\|_2 = \|\mathbf{y}_k - \mathbf{W}_1\mathbf{r}_k\|_2^2$$

其中

$$\mathbf{W}_1 = [\bar{\mathbf{w}}_1 \otimes \mathbf{w}_1, \bar{\mathbf{w}}_2 \otimes \mathbf{w}_2, \dots, \bar{\mathbf{w}}_d \otimes \mathbf{w}_d] \quad (3)$$

$$\mathbf{r}_k = \text{diag}\{\mathbf{A}_k\}, \mathbf{y}_k = \text{vec}(\mathbf{Y}_k)$$

因此  $\mathbf{r}_k$  的最小二乘意义下的最优解为:

$$\mathbf{r}_{kopt} = \mathbf{W}_1^\# \mathbf{y}_k \quad (4)$$

其中“#”为 Moore\_Penrose 逆, 当  $\mathbf{W}_1$  列满秩时,  $\mathbf{W}_1^\# = (\mathbf{W}_1^H \mathbf{W}_1)^{-1} \mathbf{W}_1^H$

将式(3)和式(4)代入式(1)中得到：

$$\arg \min_{\mathbf{W}} \sum_{k=1}^d \|\mathbf{y}_k - \mathbf{W}_1 \mathbf{W}_1^\# \mathbf{y}_k\|_2^2 \Leftrightarrow \arg \max_{\mathbf{W}} \sum_{k=1}^d \|\mathbf{P}_{\mathbf{W}_1} \mathbf{y}_k\|_2^2 \quad (5)$$

其中  $\mathbf{P}_{\mathbf{W}_1} = \mathbf{W}_1 \mathbf{W}_1^\#$ 。

因此对式(1)的求解简化为对式(5)的求解。

### 2.2 W 的参数化

为了便于对式(5)的求解，本文利用文献[6]附录的方法对矩阵  $\mathbf{W}$  的每一列进行参数化，其方法如下：

设  $\mathbf{w}$  为  $d \times 1$  阶的单位向量，即  $\|\mathbf{w}\|_2 = 1$ ，则令：

$$\mathbf{w} = \mathbf{w}(\boldsymbol{\theta}) = \boldsymbol{\Phi} \mathbf{R}_1(\beta_1) \mathbf{R}_2(\beta_2) \cdots \mathbf{R}_{d-1}(\beta_{d-1}) \mathbf{e}_1 \quad (6)$$

其中  $\boldsymbol{\Phi} = \text{diag}\{1, e^{j\phi_1}, \dots, e^{j\phi_{d-1}}\}$ ， $0 \leq \phi_i < 2\pi$ ，

$$\mathbf{R}_i(\beta) = \begin{bmatrix} c & -s & & \\ & \mathbf{I}_{i-1} & & \\ s & & c & \\ & & & \mathbf{I}_{d-1-i} \end{bmatrix}$$

$$c = \cos(\beta), \quad s = \sin(\beta), \quad -\pi/2 \leq \beta < \pi/2,$$

$$\boldsymbol{\theta} = [\beta_1, \dots, \beta_{d-1}, \phi_1, \dots, \phi_{d-1}]^T$$

通过参数化处理， $d$  维单位向量  $\mathbf{w}$  可以由  $2(d-1)$  个参数来表示，所以矩阵  $\mathbf{W}$  共有  $2(d-1) \times d$  个参数，因此式(5)对矩阵  $\mathbf{W}$  的优化问题转化为对  $2(d-1) \times d$  个参数的优化问题。

## 3 改进的遗传算法在矩阵联合对角化中的应用

### 3.1 传统的遗传算法

遗传算法相对于其它的寻优算法而言，其优点在于它对目标问题的求解完全的依赖于解的个体及其适应度，而不需要其它的知识，故它对于解决复杂的非线性、非结构性问题有很强的求解能力。传统的简单遗传算法概括起来包括以下几个步骤：

- 步骤1 选择编码策略，把解空间  $\mathbf{X}$  映射到编码空间  $\mathbf{S}$ ；
- 步骤2 定义适应值函数  $f(\mathbf{X})$ ；
- 步骤3 确定遗传策略，包括种群规模  $M$ ，选择，交叉，变异算子以及交叉概率和变异概率等遗传参数；
- 步骤4 随机初始化生成群体  $\mathbf{P}$ ；
- 步骤5 计算种群每个染色体的适应度  $f(\mathbf{X})$ ；
- 步骤6 按照遗传策略，运用选择，交叉和变异算子作用于群体，形成下一代群体；
- 步骤7 判断群体是否满足某一指标或者完成预定的迭代次数，不满足则返回步骤6，直至满足为止。

利用传统的遗传算法解决矩阵联合对角化问题时，发现其收敛速度较慢，并且很容易产生早熟现象，从而使得寻优结果与最优解存在较大差距，对此文中结合矩阵联合对角化问题的特点，改进了传统的遗传算法。

### 3.2 基于矩阵联合对角化的改进遗传算法

(1) 解空间的编码 遗传算法中的编码是将解空间向染

色体空间的转换，编码的主要目的是优化解的形式和便于遗传计算，最常用的编码方式有二进制码和十进制码，二进制码更加易于遗传操作，并且计算比较细致，从而能以较大的概率收敛到全局最优解，但会使得解空间的维数增大，而十进制计算相对粗略，但减少了解空间的维数，本文采用十进制编码。由于上一节已经把矩阵  $\mathbf{W}$  的每一列  $d$  维向量进行参数化，参数化的向量共有  $2(d-1)$  个变量，因此解空间可以认为是一个  $2(d-1) \times d$  阶参数矩阵  $\mathbf{V}$ 。

(2) 初始群体的产生 为了保持初始群体中染色体的多样性，初始群体的选择应该具有一定的随机性，只有这样才能达到所有状态的遍历，同时也希望初始群体中含有一些较优的染色体，为此对矩阵  $\mathbf{Y}_i \mathbf{Y}_j^{-1}$  进行特征分解，得到特征向量矩阵  $\mathbf{W}_{ij}$ ，在将其转换成参数矩阵  $\mathbf{V}_{ij}$  作为一个初始染色体，显然这些染色体中含有较优的基因，文中将这些染色体均放入初始群体中，其余的染色体则随机产生。

(3) 选择算子的设计 在群体的进化过程中，不同阶段需要不同的选择压力，早期阶段选择压力较小，希望较差的个体也有一定的生存机会，使得群体保持较高的多样性，后期阶段选择压力大，因此希望减少搜索邻域，加快当前最优解的改善速度。为了动态地调整选择压力，文中定义了每个染色体  $\mathbf{V}_i$  的选择概率：

$$P(\mathbf{V}_i) = \frac{\exp\{f(\mathbf{V}_i)/T_k\}}{\sum_{j=1}^M \exp\{f(\mathbf{V}_j)/T_k\}}, \quad i = 1, 2, \dots, M \quad (7)$$

其中  $f(\mathbf{V}_i)$  由式(5)计算， $T_k$  是第  $k$  次迭代的退火温度，并随着迭代的进行逐渐减少。

得到每个染色体的选择概率后，再通过赌盘操作进行选择。与此同时文中还采用最优保存策略，即将当前群体中适应度最高的个体不参与交叉和变异运算，而直接替换经过交叉，变异运算后适应度最差的个体。

(4) 交叉算子与变异算子的设计 交叉算子是以一定的概率对两个染色体进行交叉运算，从而产生一对新的染色体，交叉算子在遗传算法中作用相当关键，它决定了遗传算法的全局搜索能力，交叉算子有许多种，从一对染色体产生后代的个数来看，交叉算子分为双亲双子法和双亲单子法。从交叉方法来看，交叉算子分为单点交叉，多点交叉和算术交叉，本文采用的交叉操作如下：

步骤1 将染色体随机配对，并确定交叉概率  $P_c$

步骤2 从[0,1]产生随机数  $r$ ，当  $r < P_c$  时，对待配对的染色体进行如下交叉操作：

$$\mathbf{V}'_1 = \alpha \mathbf{V}_1 + (1 - \alpha) \mathbf{V}_2, \quad \mathbf{V}'_2 = \alpha \mathbf{V}_2 + (1 - \alpha) \mathbf{V}_1$$

其中  $\alpha$  为 0~1 间的随机数。

变异算子是以一定的概率，将个体染色体中某些基因位上的基因值用其它基因代替，从而形成新的染色个体，变异算子是产生新个体的辅助方法，它决定遗传算法的局部搜索能力，正是交叉算子和变异算子的相互配合，共同完成对搜

索空间的全局搜索和局部搜索,从而使得遗传算法能够有良好的搜索性能来完成最优问题的寻优过程,本文采用的变异操作如下:

步骤1 确定变异概率  $P_m$ , 从  $[0,1]$  产生随机数  $r$ , 当  $r < P_m$  时, 选择  $V_i$ ,  $i = 1, 2, \dots, M$  作为待变异的染色体;

步骤2 对每个选择的染色体  $V_i$ , 随机选择一个基因位, 如果该基因位为  $x_k$ , 其取值范围为  $[U_{\min}, U_{\max}]$ , 则变异后的值为:

$$x'_k = U_{\min} + r(U_{\max} - U_{\min})$$

其中  $r$  为  $0 \sim 1$  间的随机数。

在传统的遗传算法中, 染色体之间的竞争是子代与子代之间的竞争, 而子代和父代之间没有竞争, 这样父代中的优良个体有可能丢失, 本文则利用模拟退火的思想, 分别在上述的交叉算子和变异算子中引入了父代与子代的竞争机制, 其算法如下:

步骤1 设  $V'_i$  和  $V'_j$  是由  $V_i$  和  $V_j$  进行交叉得到的染色体, 并计算它们的适应度  $f(V'_i)$ ,  $f(V'_j)$ ;

步骤2 若  $\min\{1, \exp\left\{\frac{f(V'_i) - f(V_i)}{T_k}\right\}\} > \text{rand}(0, 1)$ , 则接受新的染色体  $V'_i$ , 并按照同样的方法接受  $V'_j$ ;

步骤3 对交叉后的染色体进行变异操作, 按步骤2中的方法决定是否接收变异后的染色体。

(5) 自适应交叉概率和变异概率的设计 交叉概率  $P_c$  和变异概率  $P_m$  是影响遗传算法寻优性能的一个重要因素, 传统的遗传算法中把它们作为常数, 本文基于个体的适应度值来自适应地改变  $P_c$  和  $P_m$ 。当群体有陷入局部最优解的趋势时, 就相应地提高  $P_c$  和  $P_m$ , 当群体在解空间发散时, 就降低  $P_c$  和  $P_m$ 。自适应遗传算法在保持群体多样性的同时保证遗传算法的收敛能力, 有效地提高了遗传算法的优化能力, 文中计算方法如下:

$$P_c = \begin{cases} k_1(f_{\max} - f)/(f_{\max} - \bar{f}), & f \geq \bar{f} \\ k_2, & f < \bar{f} \end{cases}$$

$$P_m = \begin{cases} k_3(f_{\max} - f)/(f_{\max} - \bar{f}), & f \geq \bar{f} \\ k_4, & f < \bar{f} \end{cases}$$

其中  $f_{\max}$  为种群中最大的适应值,  $f_{\min}$  为优良群体中最小的适应值,  $\bar{f}$  为平均适应值,  $k_1$  和  $k_2$  为交叉概率的调整系数,  $k_3$  和  $k_4$  为变异概率的调整系数, 并且  $0 < k_1 < k_2 < 1$ ,  $0 < k_3 < k_4 < 1$ 。

该计算方法表明, 当  $f \geq \bar{f}$  时, 则认为该染色体是较优的, 因此以较小的概率进行交叉和变异, 反之则以较大的概率进行交叉和变异。

(6) 将梯度算法与遗传算法结合 当群体进化到一定代数后, 进化效率会有所降低, 为了提高效率, 本文将梯度算法引入到遗传算法中, 即选择当前群体中的最佳染色体作为初始个体, 在采用梯度算法进行局部寻优, 梯度算法如下:

步骤1 设最优染色体为  $V_0$ ,  $k = 1$ ,  $\mu = 0.1$ ,  $\varepsilon = 0.01$ ;

步骤2  $V_k(i, j) = V_{k-1}(i, j) + \mu \frac{\partial f(V_{k-1})}{\partial V_{k-1}(i, j)}$ ,  $i = 1, 2, \dots,$

$2(d-1)$ ,  $j = 1, 2, \dots, d$ ;

步骤3 若  $|f(V_k) - f(V_{k-1})| < \varepsilon$  则停止, 否则  $k = k + 1$ 。

其中

$$\frac{\partial f(V)}{\partial V(i, j)} = \sum_{k=1}^d \frac{\partial y_k^H P_{W_1}^H P_{W_1} y_k}{\partial V(i, j)} = \sum_{k=1}^d y_k^H \frac{\partial P_{W_1}}{\partial V(i, j)} y_k$$

$$= \sum_{k=1}^d y_k^H \left[ P_{W_1}^\perp \frac{\partial W_1}{\partial V(i, j)} W_1^\perp + \left( P_{W_1}^\perp \frac{\partial W_1}{\partial V(i, j)} W_1^\perp \right)^H \right] y_k$$

$$\frac{\partial W_1}{\partial V(i, j)} = \left[ 0, 0, \dots, \frac{\partial \bar{w}_j}{\partial V(i, j)} \otimes w_i + \bar{w}_i \otimes \frac{\partial w_j}{\partial V(i, j)}, 0, \dots, 0 \right]$$

#### 4 算法仿真

为了验证本文提出的改进遗传算法, 我们将其利用到解析恒模算法中, 假设空间中有 2 个 FM 信号, 信噪比均为 10dB, 射频为 850MHz, 孔径比为 1.586, 信号 1 的调制频率为 2kHz, 信号 2 的调制频率为 400Hz, 信号载频相差 10kHz, 快拍数为 1000, 信号的来波方位角为  $150^\circ$  和  $200^\circ$ , 仰角均为  $0^\circ$ , 图 1 是利用改进的遗传算法进行矩阵联合对角化得到的信号分离时域图, 图 2 是波束形成图。

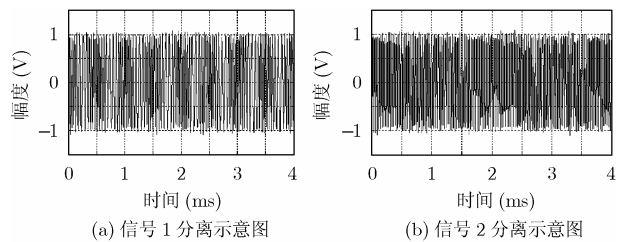


图1 信号分离示意图

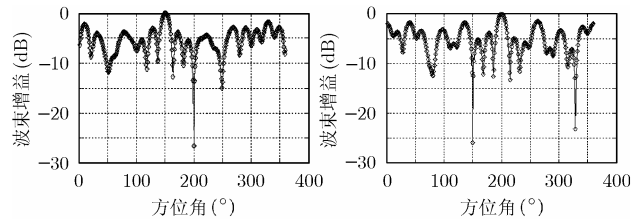


图2 波束形成示意图

从图中可以看出, 改进的遗传算法成功地运用了解析恒模算法中, 并有效地分离出了恒模信号, 从波束形成图中可以看出, 在两个来波信号的方向上分别形成了主瓣和零陷, 同时我们将改进的遗传算法与传统的遗传算法以及高斯-牛顿迭代算法和 Jacobi 迭代算法进行比较, 得到图 3 和图 4。

从图 3 中可以看出, 利用本文提出的改进遗传算法的寻优性能要优于传统遗传算法的寻优性能, 从图 4 中可以看出, 在进化初期, 改进的遗传算法的寻优速度要稍低于高斯-牛顿算法和 Jacobi 迭代算法, 但在进化后期可以收敛到更优的解, 从而体现了改进遗传算法的全局寻优的性能。

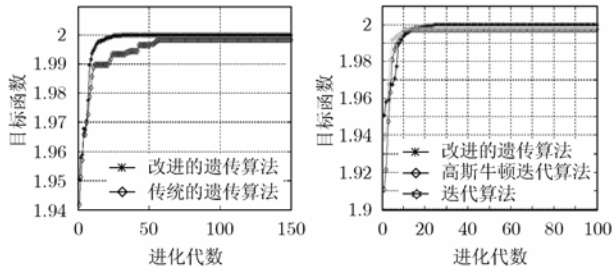


图3 改进的遗传算法与传统遗传算法的比较 图4 改进的遗传算法与高斯-牛顿和Jacobi迭代算法的比较

## 5 结束语

矩阵联合对角化问题是许多盲信号分离中最终要解决的问题，如果除去信号处理的不同含义，矩阵联合对角化问题具有一个共性的优化问题，本文将待优化的目标函数进行简化，使得目标函数中只有特征矩阵作为变量，为了便于优化计算，文中将特征矩阵进行参数化，再利用遗传算法对参数进行优化，遗传算法相对于其它的寻优算法而言其优点在于它对目标问题的求解完全依赖于解的个体及其适应度，而不需要其它的知识，故它对于解决复杂的非线性、非结构性问题有很强的求解能力，但利用传统的遗传算法解决矩阵联合对角化问题时，发现其收敛速度慢，并且很容易产生早熟现象，从而使得寻优结果与最优解存在较大差距，对此文中结合矩阵联合对角化问题的特点，提出了改进的遗传算法，计算机仿真结果验证了改进算法提高了寻优性能，加快了收敛速度，相比其它的矩阵联合对角化算法也有一定的优势，但计算量较大，改进算法中仍有一些参数需要根据经验进行调整，因此如何进一步提高遗传算法在矩阵联合对角化中的计算效率，仍然是值得研究的。

## 参 考 文 献

- [1] Vanderveen A J and Paulraj A. An analytical constant modulus algorithm. *IEEE Trans. on Signal Proc.*, 1996, 44(5): 1135-1155.
  - [2] Vanderveen A J, Vanderveen M C and Paulraj A. Joint angle and delay estimation using shift-invariance techniques. *IEEE Trans. on Signal Proc.*, 1998, 46(2): 405-418.
  - [3] Belouchrani A, Abed-Meraim K, Cardoso J F and Moulines E. A blind source separation technique using second-order statistics. *IEEE Trans. on Signal Proc.*, 1997, 45(2):434-444.
  - [4] Sidiropoulos N D, Giannakis G B, and Bro R. Parallel factor analysis in sensor array processing. *IEEE Trans. on Signal Proc.*, 1999, 44(3): 2377-2388.
  - [5] Wax M and Sheinvald J. A least squares approach to joint diagonalization. *IEEE Trans. on Signal Proc.*, 1997, 4(2): 52-53.
  - [6] VanderVeen A J. Joint diagonalization via subspace fitting technique. Proc 2001 IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing (ICASSP'01), 2001, 5: 2773-2776.
  - [7] Moler C and Stewart G W. An algorithm for generalized matrix eigenvalue problems. *SIAM Journal on Numerical Analysis*, 1973, 241-256.
  - [8] Cardoso J F and Souchoumiac A. Blind beamforming for non-Gaussian signals. *IEE Proc. Radar and Signal Processing*, 1993, 140(6): 362-370.
  - [9] Yeredor A. Non-orthogonal joint diagonalization in the least squares sense with application in blind source separation. *IEEE Trans. on Signal Proc.*, 2002, 50(7): 1545-1553.
  - [10] 王永良, 陈辉, 彭应宁, 万群. 空间谱估计理论与算法. 北京: 清华大学出版社, 2004: 168-173.
  - [11] 李敏强, 寇纪淞, 林丹, 李书全. 遗传算法的基本理论与应用. 北京: 科学出版社, 2003: 56-78.
- 王 鼎: 男, 1982年生, 硕士, 研究方向为阵列信号处理和无源定位.  
 吴 瑛: 女, 1960年生, 教授, 博士生导师, 主要研究方向为数字信号处理、阵列信号处理及其DSP实现.