

## 基于遗传算法的被动浮标阵优化布放技术研究

周旭 杨日杰 高学强 韩建辉  
(海军航空工程学院电子信息工程系 烟台 264001)

**摘要:** 在航空反潜战中,合理有效地布放被动浮标阵是提高探测概率的关键。该文将遗传算法应用于优化被动浮标布阵,合理设计了交叉算子,变异算子和适应度函数等。仿真分析了按经验布放的传统浮标阵和GA优化阵形的探测效能,结果表明该算法在复杂水声环境条件下,能有效提高被动浮标阵的探测概率。

**关键词:** 反潜战;浮标布阵;遗传算法

中图分类号: T J67

文献标识码: A

文章编号: 1009-5896(2008)10-2533-04

## Analysis of Passive Sonobuoy Array Optimal Placement Based on Genetic Algorithm

Zhou Xu Yang Ri-jie Gao Xue-qiang Han Jian-hui  
(Naval Aeronautical Engineering Institute, Yantai 264001, China)

**Abstract:** How to deploy efficiently sonobuoys is important in air ASW. The Genetic Algorithm(GA) is applied to sonobuoys deployment with reasonable crossover, mutation and the fitness function. A simulation is present to compare detection probability of sonobuoys array between produced by GA and standard method, and the results indicates that the GA can achieve a significant improvement in detection probability.

**Key words:** Anti-Submarine Warfare (ASW); Sonobuoys deployment; Genetic algorithm

### 1 引言

被动声纳浮标搜潜具有方便快捷、隐蔽、安全等优点,是反潜机应召反潜的主要装备。然而,反潜机每次携带被动声纳浮标的数量有限,而且潜艇运动不可预知,这都给搜潜工作带来很大的困难。因此,如何合理有效进行浮标布阵以尽可能地提高搜潜概率,一直是亟待解决的问题。

被动浮标阵搜潜实质上就是动目标搜索,但又不同于一般的动目标搜索,如寻找漂流的船只等。它主要有以下两方面的假定,其一假定目标潜艇不知道搜索行动存在,并不采取任何规避行动;其二,由于反潜机速度远大于潜艇速度,可以快速投放浮标,因此可以将一批次投放近似为一次投放,且投放后位置近似不变。

对于随机运动目标的最优搜索, Brown 在 1980 年就进行了研究<sup>[1]</sup>,但其优化方案是抽象搜索力的随机分布,不能具体应用在浮标布阵上。此外,目前国外对动目标搜索的算法并不适合优化这种近似一次投放的浮标阵,例如针对 Markov 运动目标的路径规划和各种 A\*算法等<sup>[2, 3]</sup>。国内对于浮标阵布放的研究大多集中在积累探测概率(Cumulative Detection Probability, CDP)的计算<sup>[4, 5]</sup>,且对最优搜索理论研究的人很少,应用基本处于空白<sup>[6]</sup>。为此,本文避开了复杂的数学推导,利用 Monte Carlo(MC)法求解 CDP,并采

用遗传算法对浮标阵形进行优化。通过与按经验布放的传统阵形进行仿真比较,证明该方法对于复杂的作战环境,能产生较为合理的浮标阵形。

### 2 问题描述

#### 2.1 问题和目的

在一定作战海区  $Q$ ,一批次投放  $n$  枚声纳浮标搜索单艘潜艇,总的搜索时间  $[T_1, T_2]$  是预先规定的。假定浮标投放后忽略漂移的影响,固定在各自的位置,并且在搜索时间内一直能正常工作。优化布阵的目的就是利用  $n$  枚浮标在总的搜索时间内尽可能搜索到潜艇,衡量阵形好坏的指标是积累探测概率。

#### 2.2 目标运动模型

应召反潜通常通过其它途径得知某海域有潜艇活动信息,如红外设备观测到潜艇废气等,但不知道潜艇的具体位置和运动状态。Stone 将随机运动分为有条件确定型目标运动和 Markov 目标运动<sup>[7]</sup>。定义发现时刻为初始时刻,其初始状态和运动方式一般根据具体海洋环境、战场态势和量测信息的多少而进行设定。

对于确定型运动目标,将海域  $Q$  分为  $N$  个小区  $z_i, (i = 1, 2, \dots, N)$ , 设目标初始时刻在  $z_i(0), z_i(0) \in Q$  的出现概率为  $P(z_i(0))$ , 则:

$$\int_Q P(z_i(0)) dx = 1 \quad (1)$$

潜艇在某航向范围内作匀速直线运动。其中在单个小区

域内假定均匀分布较合理,  $N$  越大越精确, 但  $N$  增大, 计算量也大。

对于 Markov 目标, 海域  $Q$  分为  $N$  个等大小区域, 目标以一定概率分布在这些小区域中, 设目标在  $k$  时刻位置为  $\xi(k)$ , 定义该目标从一个区域到邻近区域的一步转移概率为

$$P_{ij}(k) = P\{\xi(k+1) = j / \xi(k) = i\} \quad (2)$$

它取决于目标的任务假定。Forrest 针对固定起点和终点的情况, 随机产生 10000 条轨迹, 统计分析了海域  $Q$  内各时间段的所有一步转移概率<sup>[8]</sup>。

### 2.3 CDP 计算方法

在实际过程中, 探测目标的计算很复杂, 本文采用了简单的定距准则, 即目标处于浮标有效探测半径范围  $\lambda$  内时, 探测概率为 1, 否则为 0。在  $[T_1, T_2]$  时间内的积累探测概率由 MC 法仿真估算, 即在搜索时间段内仿真产生大量的目标运动轨迹, 统计被搜索到的次数, 即可得到 CDP。

## 3 遗传算子的设计

遗传算法试图通过模拟进化过程来解决复杂问题, 通常有 5 个因素: 染色体、初始种群、交叉、变异和选择。本文采用了一般的遗传算法, 具体实现阐述如下。

(1) 染色体(The chromosome)。染色体是一个定长(长度=浮标数)序列, 且每个染色体用它的二维坐标  $\mathbf{x}_i = (x, y)$  描述, 其中下标  $i$  为浮标序号, 因此每个浮标位置均可看作一个基因。除剔除两浮标间距离小于浮标作用半径的情况外, 编码没有其它限制。为了使染色体的表示比较自然, 而且比较容易引入相关领域知识, 采用了二维实数编码, 编码的长度与设计变量的维数相同。

设计变量  $\mathbf{X} = [\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_n]$

染色体  $\mathbf{V}_k = [v_{k1}, v_{k2}, \dots, v_{kn}]$ ,  $k = 1, 2, \dots, m$

式中  $\mathbf{X}_i^u \leq v_{ki} \leq \mathbf{X}_i^l$ ,  $\mathbf{X}_i^u$  和  $\mathbf{X}_i^l$  分别是  $\mathbf{x}_i$  的下限和上限。 $m$  为染色体的总数。变量  $\mathbf{X}$  为浮标阵的二维坐标, 即  $n$ =浮标数,  $\mathbf{x}_i$  为二维坐标。

(2) 初始种群(The initial population)。初始种群产生方式有: 随机产生和传统布阵方法。

随机产生就是在整个搜索海域上随机布放浮标, 浮标坐标由两个独立的随机数确定。每次布设浮标之前首先对浮标间距进行判断, 如果其间距小于浮标的探测直径, 则重新调整浮标间距。随机产生的浮标阵整条染色体性能通常不高, 但在交叉过程中往往能提供较好的基因片断, 因此在初始种群中 75% 由随机阵产生。

目前传统浮标布阵方法有 3 种类型: 实心阵、包围阵和线阵。其中实心阵有实心圆阵、实心方阵等; 包围阵有圆阵和方阵等; 线阵有圆弧阵、直线阵和折线阵等。阵形选择往往结合一些先验信息和战术目的进行考虑。如果参数合适, 整条染色体性能较高。在进化过程中线阵往往能保存较多的基因, 而实心阵和包围阵的基因被破坏的可能性较大。因此

在产生传统浮标阵时, 设置线阵概率较大, 设为 20%, 其它的较小。

为了提供比较优良的种子, 设置的初始种群数往往大于后续种群数。因此, 在仿真过程中初始种群数设为 500, 后续种群设为 100。另外, 为了防止早熟, 保持基因的多样性, 每隔 80 代更新 90% 的染色体。此时若已发生早熟, 更新百分比太小, 则很快就淘汰掉新加入的染色体。

(3) 适应度函数(The fitness function)。适应度函数是在时间  $t$  的累计探测概率, 由 MC 方法确定。

(4) 选择(survivors)。选择分为两种情况: 少量复制和通过轮盘赌选择。每一代均从前一代中保留最适应的个体的某部分, 它们不参与交叉变异, 其余的均参与交叉和变异。

(5) 交叉(crossover)。由于浮标作用范围可能发生重叠, 并不完全独立。因此在设计交叉算子时, 形式不同于一般的二维实数编码交叉, 即在对应位置上互换, 而采用了再次投影编码交叉算法, 具体实现过程如下:

假设交叉父代染色体如图 1 所示, 浮标阵  $\mathbf{Z}_1 = [\mathbf{Z}_{11}, \mathbf{Z}_{12}, \mathbf{Z}_{13}, \mathbf{Z}_{14}, \mathbf{Z}_{15}, \mathbf{Z}_{16}]$  和浮标阵  $\mathbf{Z}_2 = [\mathbf{Z}_{21}, \mathbf{Z}_{22}, \mathbf{Z}_{23}, \mathbf{Z}_{24}, \mathbf{Z}_{25}, \mathbf{Z}_{26}]$ 。由于局部优化解比较相似, 如果采用一般的交叉方法,  $\mathbf{Z}_{1i}$  与  $\mathbf{Z}_{2i}$  互换可能导致很多无效交叉, 从而降低进化效率, 因此, 本文设计了一种最短距离交叉法。若在某次交叉过程中, 根据随机函数有  $\mathbf{Z}_{11}$ ,  $\mathbf{Z}_{13}$ ,  $\mathbf{Z}_{16}$  3 个点参加交叉,  $\mathbf{Z}_{12}$ ,  $\mathbf{Z}_{14}$ ,  $\mathbf{Z}_{15}$  保持不变, 先计算  $\mathbf{Z}_2$  中所有点与  $\mathbf{Z}_{11}$ ,  $\mathbf{Z}_{13}$ ,  $\mathbf{Z}_{16}$  的距离, 保留距离最近的 3 个点, 其余 3 个点参与交叉。两组参与交叉的点根据距离最短的规则实现互换, 这样交叉后的染色体为

$$\mathbf{Z}'_1 = [\mathbf{Z}_{22}, \mathbf{Z}_{12}, \mathbf{Z}_{24}, \mathbf{Z}_{14}, \mathbf{Z}_{15}, \mathbf{Z}_{21}]$$

$$\mathbf{Z}'_2 = [\mathbf{Z}_{16}, \mathbf{Z}_{11}, \mathbf{Z}_{23}, \mathbf{Z}_{13}, \mathbf{Z}_{25}, \mathbf{Z}_{26}]$$

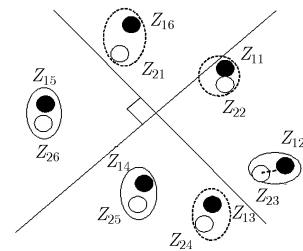


图 1 交叉算子设计示意图

这样保存了很多优良的基因, 避免过多的无效交叉。

(6) 变异(mutation)。变异主要是为了防止获得的结果为局部最优解, 在仿真过程中发现只改变单个基因实现变异较难克服局部最优解, 而且在每次交叉后均有稳态单点变异, 因此没有必要再次采用单点变异, 而采用整体摄动(范围: 0~浮标探测半径)的方式, 即每一点具有改变, 变异率设为 0.05%。

## 4 仿真和比较

仿真分析考虑了两种情况: 一种是较简单的目标分布特

性和各向同性的水声环境; 另一种仿真环境更贴近实际, 设目标运动模式为 Markov 的经验模型<sup>[8]</sup>。第 1 种情况分析难度不大, 基本上凭经验就能达到次优, 如果通过遗传算法也能达到次优, 则证明该算法有效。进一步考虑较实际的仿真环境, 此时凭经验很难达到次优, 如果经遗传算法优化能大幅提高探测概率, 则能进一步证明该算法具有较强的通用性。

4.1 简单环境仿真

假定目标初始位置服从圆周正态分布, 即

$$\rho_0(\mathbf{x}) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp[-(u^2 + v^2)/2\sigma^2], \mathbf{x} = (u, v) \in Q \quad (3)$$

初始标准差  $\sigma = 20\text{nmile}$ , 采用匀速( $v=6\text{knot}$ )直线方式运动, 航向在  $(0, \pi/2]$  内均匀分布。浮标数  $n=12$ , 浮标探测直径  $d=4\text{nmile}$ , 从初始时刻到开始搜索时刻的延迟时间为 4hr, 搜索持续时间为 3hr。

这种情况很难用解析式或者曲线拟合的方法得到优化解, 遗传算法正好适合这种组合优化的形式。为了证明遗传算法的有效性, 用它的优化结果与经验布放阵形比较。

考虑到目标在一个扇面中运动, 用线阵的方式较为合理。另外目标在搜索期间内行驶 18nmile, 而浮标探测直径为 4nmile, 因此布成两条平行线阵拦截, 浮标间距为 2 倍作用距离, 线阵方向与从原点出发、角度为  $\pi/4$  的射线垂直, 不断调整线阵之间距离和第一条线阵与原点之间的距离。经反复测试, 线阵之间距离设为 19nmile, 第一线阵与原点距离设为 21nmile, CDP 最高达 0.463, 图 2 为该方案中潜艇未被搜索的概率密度分布和浮标布放方案, 其中, 圆环表示浮标有效作用范围, 颜色越深表示未被搜索的条件概率密度分布  $\rho(\mathbf{x}, t)$  越大,  $\rho(\mathbf{x}, t)$  定义为  $\rho(\mathbf{x}, t) = P(t \text{ 时刻之前不被搜索} | \text{目标位置} = \mathbf{x})$ , 其中,  $t \in [\text{搜索起始时刻}, \text{搜索结束时刻}]$ 。

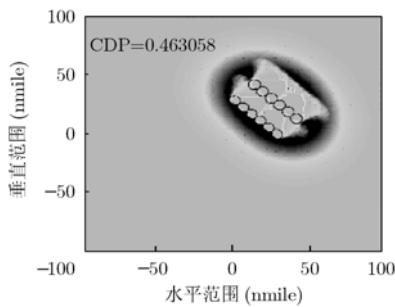


图 2 基于经验的浮标阵及潜艇未被搜索的条件概率密度分布

由于假设的仿真条件较简单, 凭经验多次布放也基本能达到次优, 若遗传算法产生的阵形大于等于该 CDP, 即可证明遗传算法应用于浮标布阵是有效的。

根据前面描述, 在同等假设条件下, 设置遗传算法的进化代数为 300 代, 图 3(a), 3 (b) 分别是 2 次运行的结果, 积累探测概率依次为 0.515, 0.506。可见经过遗传算法优化的结果, 基本上也呈两排拦截线阵, 性能均优于人工布阵方案。

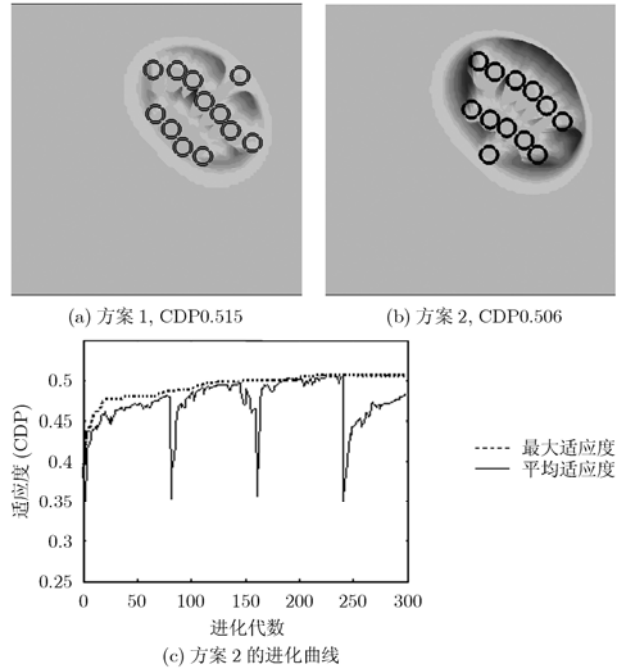


图 3 遗传算法产生浮标阵方案

图 3(c) 是第 2 种情况的进化曲线, 可以看出虽然设置了 0.05% 的变异率和每 80 代更新 90% 的染色体, 但还是很难克服局部最优解, 未能达到图 3(a) 中的 0.515。

4.2 复杂环境仿真

选择日本海入口处的  $40\text{nmile} \times 80\text{nmile}$  的矩形海域, 水声数据取 2 月份年平均 CTD 数据(<http://www.nodc.noaa.gov/>), 由于该处只有 11 个测量点, 其它各处数据均用最近邻域插值法获得。目标运动模型采用了文献[8]的经验模型, 在此假设目标初始位置均匀分布在图 4(a) 所示的一矩形区域内, 终点为另一侧的边界, 这种方式相当于目标从左端向右端作匀速( $v=12\text{knot}$ )横跨运动, 运动轨迹是随机的, 产生的 5000 条运动轨迹坐标预先存储在一个大容器内。根据被动声纳方程可求出作用范围, 由于声源级不可知, 只能由经验公式大体预测, 另外检测阈 DT、噪声级 NL 及指向性 DI 均可知或可测, 因此, 声纳作用范围只与传播损失 TL 有关。为了计算方便, 将海域离散化成若干小区域(边长 0.125 nmile), 小区域内部各向同性, 另外在计算声纳作用范围时, 每  $60^\circ$  计算一次作用范围, 这样方向性简化为 8 个方向, 浮标在每点的作用距离预先存储在  $8 \times 320 \times 640$  的数组中, 在仿真过程中不必重复计算。由于离散化的原因, 虽然降低了计算精度, 但在很大程度上提高了运算速度。为了描述海域内声纳在各处的探测能力, 图 4(a) 描述了缆绳 50m 处的浮标平均作用距离。

延迟时间 1hr、搜索时间 4hr, 布放 8 枚浮标, 按照人为经验, 对于这种横跨模式的目标采用直线阵较为合适, 将直线阵中心位置、阵形偏角、浮标间距均看作随机数, 随机布放 3000 次, 所得最好结果如图 4(b) 所示, CDP 为 0.272。

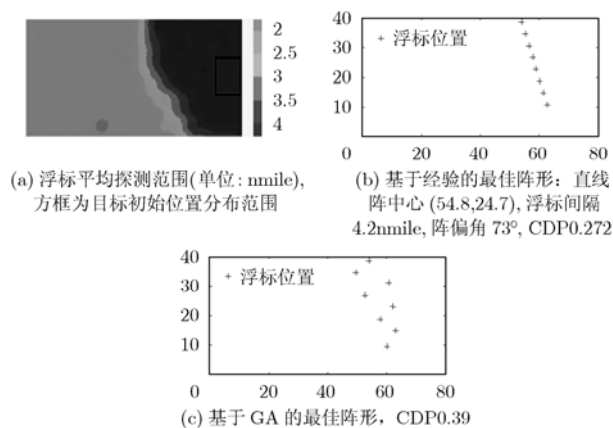


图4 复杂环境的浮标阵布放

同样, 采用上述遗传算法优化 100 次, 平均 CDP 为 0.341, 最好阵形如图 4(c)所示, CDP 为 0.39。比较图 4(b)和图 4(c)可以看出, 浮标主要布放在好的水声环境中, 但 GA 优化的阵形更加随机。对于这种较复杂的仿真环境不能说遗传算法能达到次优状态, 但也看出相对于人工布放能大幅提高探测概率(平均达 25.3%)。

## 5 结束语

本文以实际应用为背景, 分两种情况仿真比较了 GA 和传统方法产生的浮标阵探测概率, 结果表明遗传算法布阵方法产生阵型的 CDP 要优于传统的阵型。本文介绍的方法中与实际浮标反潜过程相比, 有一些因素没有考虑, 如浮标漂移, 投放路径等, 在实际应用时, 而这些都是必须考虑的因素。

## 参考文献

- [1] Brown S S. Optimal search for a moving target in discrete time and space[J]. *Operations Research*, 1980, 28(6): 1275-1289.
- [2] Sumeetpal Singh and Vikram Krishnamurthy. The optimal search for a markovian target when the search path is constrained: the infinite-horizon case[J]. *IEEE Trans. on Automatic Control*, 2003, 48(3): 493-495.
- [3] Furcy D A. Speeding up the convergence of online heuristic search and scaling up online heuristic search[D]. [Doctor]. Georgia Institute of Technology, 2004: 43-55.
- [4] 米仁泰, 冯云海. 反潜探测概率计算[J]. *船舶科学技术*, 1995, 6: 59-65.
- [5] 赵绪明. 吊放声纳搜索效率模型探讨[J]. *电光与控制*, 2005, 12(2): 37-41.
- [6] 朱清新. 最优搜索理论及其应用[J]. *世界科技与发展*, 2005, 27(4): 39-49.
- [7] Stone L D 著. 吴晓峰译. 最优搜索理论[M]. 北京: 海潮出版社, 1992: 222-277.
- [8] Forrest R N and Eagle J N. An empirical analysis of a submarine motion model[R]. Naval Postgraduate School, Monterey, California, 1991: 3-8(AD\_A242 342).

周旭: 男, 1977年生, 助教, 博士生, 研究方向为航空反潜。

杨日杰: 男, 1963年生, 教授, 博士生导师, 主要研究方向为水声工程、航空反潜。

高学强: 男, 1976年生, 工程师, 博士生, 研究方向为水声对抗。