

基于多宇宙并行量子遗传算法的非线性盲源分离算法研究¹

杨俊安 邹 谊 庄镇泉

(中国科学技术大学电子科学与技术系 合肥 230026)

摘 要: 在系统分析非线性盲源分离模型和算法的基础上,提出了基于输出信号联合累积量的非线性盲源分离算法,并提出采用多宇宙并行量子遗传算法的优化求解方法,仿真结果表明了算法的有效性。

关键词: 非线性盲源分离, 联合累积量, 量子计算, 量子遗传算法, 多宇宙并行量子遗传算法

中图分类号: TN911.7 **文献标识码:** A **文章编号:** 1009-5896(2004)08-1210-08

Nonlinear Blind Source Separation Algorithm Using Multi-universe Parallel Quantum Genetic Algorithm

Yang Jun-an Zou Yi Zhuang Zhen-quan

(Department of Electronic Science & Technology, USTC, Hefei 230026, China)

Abstract: This paper analyzes the model and algorithm of Nonlinear Blind Source Separation(NBSS) systematically, proposes a novel NBSS algorithm based on mutual cumulates, and puts forward a new optimum method using Multi-universe Parallel Quantum Genetic Algorithm(MPQGA). The simulation result demonstrates the effectiveness of the algorithm.

Key words Nonlinear Blind Source Separation(NBSS), Mutual cumulates, Quantum computation, Quantum genetic algorithm, Multi-universe Parallel Quantum Genetic Algorithm(MPQGA)

1 引言

1986 年文献 [1] 提出了基于 Hebb 学习算法的递归神经网络模型和学习算法,声称可以对独立信号的混合信号进行盲分离。这篇文献开创了信号处理领域的又一个分支——盲源分离。盲源分离是指在不知道信号混叠参数的情况下,仅仅利用信号之间统计独立这一条件,将混叠的信号分离开来。盲源分离由于其在生物医学、语音、声纳、雷达、通信等领域的广阔应用前景,受到越来越多的重视。目前的研究热点是对瞬时混叠或卷积混叠信号分离的研究。上述研究都假设信号混叠模型是线性的。但是在实际的环境里,观测到的混叠信号可能是经过非线性混叠产生的。如果此时继续使用线性混叠的模型进行求解,其结果将是完全错误的。

自从 1992 年, Burel^[2] 首次提出非线性盲源分离后,各国学者也提出一系列研究方法。目前,非线性盲源分离的研究方法主要可以分为两大类:一类是在线性盲源分离方法的基础上,利用非线性混叠模型,通过该模型来拟合实际混叠中的非线性^[2-5]。另一类方法是采用自组织映射(Self-Organizing-Maps, SOM)来提取观测信号中的非线性^[6]。后者在源信号数目较多时,会导致网络复杂性的指数级增长,而且在连续源信号进行分离时可能产生插值误差。本文的研究采用第一类方法。现有算法普遍采用牛顿迭代法、梯度法以及自然梯度法等优化求解方法,在求解类似非线性盲源分离的 NP 难问题时难以获得全局最优解。量子遗传算法(Quantum

¹ 2003-01-17 收到, 2003-10-15 改回

973 国家重点基础研究发展规划项目(G1998030413)、国家自然科学基金项目(No.60171029)资助课题

Genetic Algorithm, QGA) 作为目前刚兴起的全局寻优算法, 将量子的概率幅描述特性、叠加性和多态性与遗传算法的群体寻优特性结合在一起, 能有效提高常规遗传算法的运行效率 [7,8]。

本文的创新点包括: 提出了一种基于输出信号联合累积量的非线性盲源分离算法, 将量子遗传算法应用于非线性盲源分离研究, 提出一种采用多宇宙并行量子遗传算法的优化求解方法。仿真结果表明了算法的有效性。

2 非线性盲源分离算法研究

首先回顾一下线性混叠模型。设 $x(t)$ 为观测信号, 对应于一个 m 维离散时间信号 $x(t) = [x_1, x_2, \dots, x_m]^T$, 是源信号 $s(t) = [s_1, s_2, \dots, s_n]^T$ 的线性组合。

$$x(t) = As(t) \tag{1}$$

其中, A 为未知的非奇异混合矩阵。如果将 A 变成非线性函数, 则式 (1) 变成:

$$x(t) = f(s(t)) \tag{2}$$

其中 $f(\cdot)$ 为未知的非线性函数。

更一般的情况下, 考虑到非线性混叠中仍包含一定的线性瞬时混叠, 则非线性混合模型为:

$$x(t) = f(As(t)) \tag{3}$$

非线性盲源分离的任务就是从观测到的 x 中, 将源信号 s 恢复出来, 如图 1 所示。

图 1 虚线左边部分为信号的非线性混合模型, 右边部分为利用两层感知器的非线性去混合模型。模型中假设函数 $f(\cdot)$ 是可逆的, 其逆函数为 $f^{-1}(\cdot)$ 。如果能够使得 $g(\cdot) = f^{-1}(\cdot)$, 则输出 $y(t) = [y_1, y_2, \dots, y_m]^T$ 为:

$$y(t) = Bg(x(t)) = Bf^{-1}(x(t)) = Bf^{-1}(f(As(t))) = BA s(t) \tag{4}$$

如果 $BA = I$, 则 $y(t) = s(t)$ 。很显然, 从式 (4) 可知, 非线性盲源分离系统中, 如果没有先验知识, 仅仅依靠源信号独立这一判据, 是无法正确分离出源信号的。还必须同时知道非线性混合函数的类型。

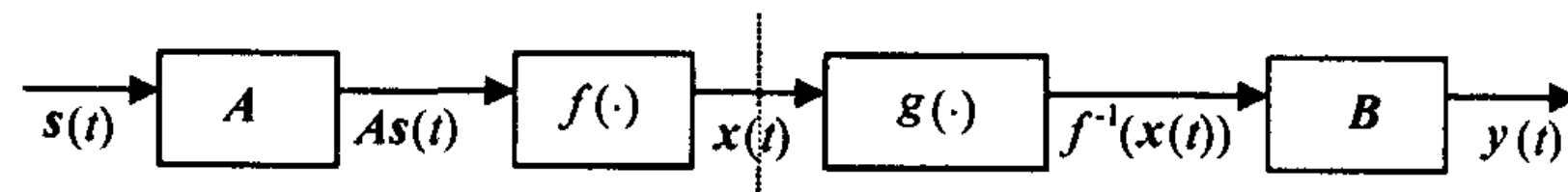


图 1 非线性混合和去混合模型

2.1 非线性盲源分离中解的存在性和唯一性

从图 1 可知, 如果能够构造出符合图 1 所示条件的解, 则解是存在的。Hyvärinen 在文献 [9] 中指出, $y(t) = [y_1, y_2, \dots, y_m]^T$ 可以用 $f^{-1}(\cdot)$ 表示, 但函数 $f^{-1}(\cdot)$ 的解析式表示将非常复杂。

图 1 中, 如果混叠函数 $f(\cdot)$ 为可逆线性变换, 则模型变成线性混叠模型, 混合信号可以被正确分离 (但存在幅度和次序的不确定性)。如果 $f(\cdot)$ 为非线性函数, 则可能存在无数个相互独立的解。例如, 设 u 和 v 是两个独立随机变量, $p(\cdot)$ 和 $q(\cdot)$ 为两个非线性函数, 那么 $p(u)$ 和 $q(v)$ 也相互统计独立。这意味着仅仅通过统计独立的假设不可能完全恢复出源信号本身, 而可能是源信号的非线性函数。

因此,非线性混叠信号的盲分离是一个非常复杂的问题,仅通过源信号统计独立的约束不足以求出唯一解。如果不对混叠的非线性函数加以限制,则这一非线性函数除了给出相互独立的输出外不能保证给出有关源信号的任何信息,因为任何具有连续分布的随机变量都可以变换为均匀分布的独立随机变量,而且这些随机变量也是相互独立的。要想获取唯一解,必须已知混叠函数的类型,然后用一个与其逆函数近似的非线性去混合函数加以拟合。而如果已知混叠函数的类型,事实上也就相当于提供了混叠函数类型的先验知识。

2.2 基于联合累积量的非线性盲源分离算法研究

非线性盲源分离算法研究延续了线性盲源分离的部分算法,因此其算法也可大致分为基于信息论的方法和基于高阶统计的方法。

基于高阶统计的方法以估计输出信号的高阶累积量作为独立的判据。在线性盲源分离中,常采用四阶自累积量(即峭度)作为独立的判据^[10]。在非线性盲源分离中,上述判据不再成立。因为上述判据的理论基础是中心极限定理。中心极限定理是:一组独立随机变量和的分布比原信号更接近高斯分布。如果分离信号的峭度越大(或负值越小),则表明分离出来的信号非高斯性越强(因为零均值高斯信号的峭度为零),从而更接近于源信号。在非线性的情况下,由于非线性的存在,独立随机变量之间不再是和的关系,即中心极限定理不再成立,因而上述判据无效。

本文提出了一种基于联合累积量的非线性统计独立性判据。具体判据如下:

定理 1^[11] 随机变量 y_1, y_2, \dots, y_n 相互独立的充要条件是,对于任意 $(\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_n) \in R^n$,

$$\phi(\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_n) = \phi(\omega_1)\phi(\omega_2) \cdots \phi(\omega_n)$$

或者

$$\psi(\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_n) = \psi(\omega_1) + \psi(\omega_2) + \cdots + \psi(\omega_n) \quad (5)$$

其中 ϕ 为第一特征函数, ψ 为第二特征函数。

定理 2 对于两个随机变量 y_1, y_2 , 其独立的充要条件是高阶联合累积量为零。

证明 根据联合累积量的定义及定理 1:

$$\begin{aligned} \text{cum}(y_1^p, y_2^q) &= \frac{\partial^{p+q}\psi(\omega_1, \omega_2)}{\partial \omega_1^p \partial \omega_2^q} = \frac{\partial^{p+q}\psi(\omega_1)}{\partial \omega_1^p \partial \omega_2^q} + \frac{\partial^{p+q}\psi(\omega_2)}{\partial \omega_1^p \partial \omega_2^q} \\ &= \frac{\partial^q[\partial^p\psi(\omega_1)/\partial \omega_1^p]}{\partial \omega_2^q} + \frac{\partial^p[\partial^q\psi(\omega_2)/\partial \omega_2^q]}{\partial \omega_1^p} = 0 \end{aligned} \quad (6)$$

其中 $p+q=r$ 称为联合累积量的阶数。

证毕

证明中采用两个随机变量,其方法对多维随机变量的证明同样有效。

因此,如果将随机变量的联合累积量作为代价函数,优化图 1 所示去混合模型中的未知参数,即可得到一组互相独立的输出变量。

对于零均值随机变量,其高阶联合累积量的计算方法如下:

$$\left. \begin{aligned} \text{cum}(y_1^2, y_2^2) &= E\{y_1^2 y_2^2\} - E\{y_1^2\}E\{y_2^2\} - 2(E\{y_1 y_2\})^2 \\ \text{cum}(y_1, y_2, y_3^2) &= E\{y_1 y_2 y_3^2\} - E\{y_1 y_2\}E\{y_3^2\} - 2E\{y_1 y_3\}E\{y_2 y_3\} \\ \text{cum}(y_1, y_2, y_3, y_4) &= E\{y_1 y_2 y_3 y_4\} - E\{y_1 y_2\}E\{y_3 y_4\} \\ &\quad - E\{y_1 y_3\}E\{y_2 y_4\} - E\{y_1 y_4\}E\{y_2 y_3\} \end{aligned} \right\} \quad (7)$$

以上计算的分别是两个、三个、四个信号的四阶联合累积量,超过四阶以上的情形非常复杂,本文暂不考虑。三阶以下的联合累积量与联合矩等价,而高阶矩一般不满足定理 1 和定理 2^[12]。

在已知非线性混合函数类型的情况下, 选择合适的非线性去混合函数, 使用四阶联合累积量作为输出信号独立性判据, 然后进行优化求解, 即可完成非线性盲源分离工作。本文采用多宇宙并行量子遗传算法进行优化求解, 并取得了较好的效果。

3 基于多宇宙并行量子遗传算法的非线性盲源分离算法研究

QGA 是量子计算与遗传算法相结合的产物。其核心是将量子的态矢量表述引入遗传编码, 利用量子旋转门和量子非门实现染色体的演化和变异, 实现了比常规遗传算法更好的效果。多宇宙并行量子遗传算法 (Multi-universe Parallel Quantum Genetic Algorithm, MPQGA) 引入了多宇宙并行的概念, 将所有的个体按照一定的拓扑结构分成一个个独立的子群体, 称为宇宙; 采用多状态基因量子比特编码方式来表达宇宙中的个体; 采用通用的量子旋转门策略和动态调整旋转角机制对个体进行演化, 采用量子非门实现量子变异以阻止早熟收敛; 各宇宙独立演化, 这样可扩大搜索空间, 宇宙之间采用最佳移民、量子交叉操作来交换信息, 使算法的适应性更强, 效率更高。

3.1 MPQGA 简介

3.1.1 多宇宙并行拓扑结构^[8] MPQGA 采用粗粒度的并行计算。其网络的拓扑结构宇宙数目较少时采用星形结构, 如图 2 所示; 当宇宙数目较多时采用超星形结构。即首先进行分组, 组内采用星形结构, 组与组之间再采用星形结构, 如图 3 所示。图中, U 代表一个宇宙, U 后的数据代表宇宙号。

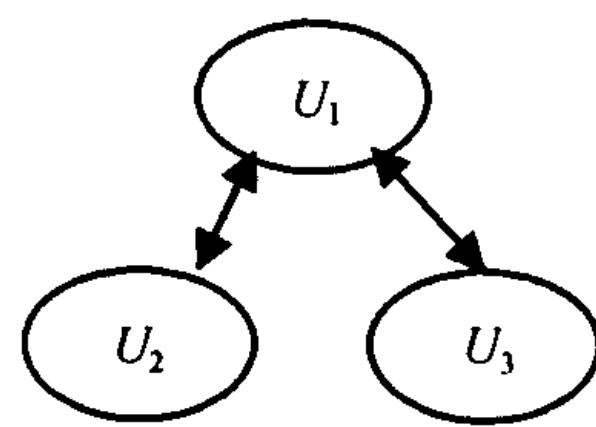


图 2 星形结构

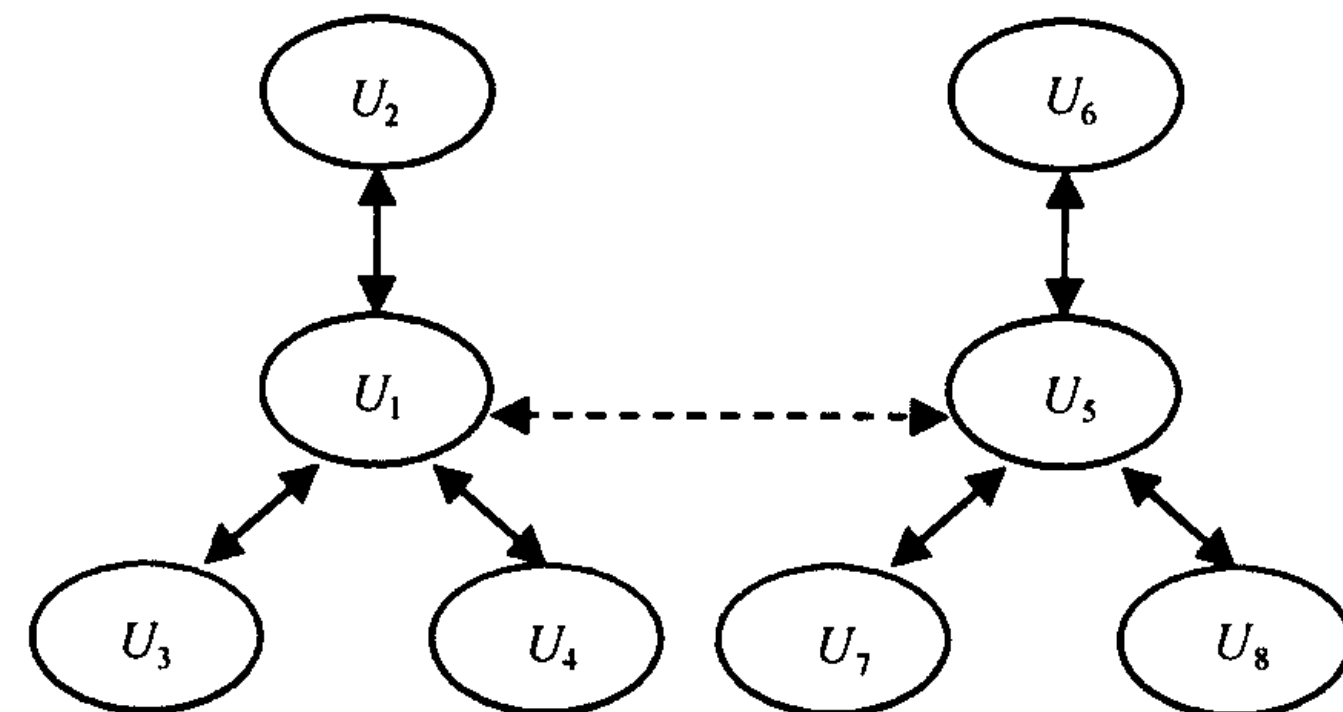


图 3 超星形结构

3.1.2 宇宙内部演化机制^[8] 宇宙内部的算法流程如下: (1) 初始化种群 $Q(t_0)$; (2) 对初始种群中的各个体实施一次测量, 得到一组状态 $P(t_0)$; (3) 对各状态进行适应度评估; (4) 记录最佳个体状态及其适应度值; (5) While 非结束状态 do

begin

① $t = t + 1$;

② 对种群 $Q(t)$ 实施一次测量, 得到一组状态 $P(t)$;

③ 对各状态进行适应度评估;

④ 依据一定的调整策略, 利用量子旋转门 $U(t)$ 和量子非门对种群进行更新, 得到子代种群 $Q(t + 1)$;

⑤ 记录最佳个体状态及其适应度值。

End

3.1.3 宇宙之间信息的交换^[8] 宇宙之间信息的交换是 MPQGA 能克服早熟收敛的有效途径。本研究采用了移民和量子交叉两种策略来实现多宇宙之间信息的交换。通过各宇宙之间的移民和量子交叉, 体现了宇宙之间的相互纠缠, 即一个宇宙内的信息发生变化, 通过信息的交互, 迅速引起其他宇宙的信息发生变化。

移民操作是粗粒度模型中普遍采用的信息交互方式,一般采用最佳移民和最差删除方法。实现的关键是移民策略、移民规模和移民周期的选择。本文中采用“一对一”的移民策略。移民规模是宇宙中个体数目的 10%~20%。移民周期选择每隔几代移民一次。

在遗传算法中,交叉的作用是实现两个个体间结构信息的互换,通过这种互换使得具有低阶、短距、高平均适应度的模式能够合并而产生高阶、高适应度的个体。量子交叉也应具有这种能力。在 MPQGA 中最能体现各宇宙结构信息的是各宇宙的演化目标。通过在两宇宙之间暂时交换各自的演化目标,使得本宇宙的结构信息有效地传递给另一参加交叉的宇宙,并对对方宇宙的演化方向产生影响,同时本宇宙也从对方宇宙的演化目标中获得对方的演化信息,从而实现了量子交叉。

3.2 基于 MPQGA 的非线性盲源分离算法

采用 MPQGA 实现非线性盲源分离的关键是: (1) 多宇宙并行拓扑结构设计; (2) 解空间染色体的量子比特编码方式; (3) 非线性去混合函数的选取; (4) 适应度函数的选取; (5) 采用量子旋转门和量子非门的染色体演化和变异机制; (6) 宇宙之间信息交互形式。

下面介绍具体的非线性盲源分离算法。

3.2.1 多宇宙并行拓扑结构设计 多宇宙并行的拓扑结构直接影响着算法的性能,包括宇宙之间信息交互的路径和交互方式。本研究中,初始群体选择 24 个个体,分成 8 个宇宙,采用图 3 所示的拓扑结构。

3.2.2 非线性去混合函数的选取 非线性去混合函数的选取与非线性混合函数相对应,两者要能满足互逆或近似互逆关系。迄今为止,尚没有一种函数可以拟合任意非线性函数的逆函数。本文中两个非线性混合函数分别选取为 $\tanh(x)$ 和 $\tanh(0.5x)$, 与之相对应,非线性去混合函数分别选取为 $\tanh(a_1x)$ 和 $\tanh(a_2x)$, a_1 和 a_2 为待优化的参数。

3.2.3 适应度函数的选取 根据前面的研究,本文选用两个输出信号的四解联合累积量作为统计独立的判据。即

$$J(\mathbf{y}) = 1/\text{cum}(\mathbf{y}_1^2, \mathbf{y}_2^2) = 1/(E\{\mathbf{y}_1^2\mathbf{y}_2^2\} - E\{\mathbf{y}_1^2\}E\{\mathbf{y}_2^2\} - 2(E\{\mathbf{y}_1, \mathbf{y}_2\})^2) \quad (8)$$

在 $E\{\mathbf{y}\mathbf{y}^T\} = \mathbf{I}$ 的约束下, $J(\mathbf{y})$ 越大表明 \mathbf{y}_i 之间的独立性越强。

3.2.4 初始群体的形成及染色体的量子比特编码方式 本研究中选择 24 个个体作为初始群体。每个个体由待优化的去混合矩阵中的元素和去混合非线性函数的参数组成。如本文中对两路混合信号进行分离,去混合矩阵为 2×2 的方阵,共 4 个参数 ($B_{11}, B_{12}, B_{21}, B_{22}$); 两路去混合非线性函数,共 2 个参数 (a_1, a_2)。合起来共有 6 个待优化的参数。采用多量子比特来编码多状态基因,每一个数值用 16bit 二进制数表示,则染色体为 $16 \times 6 = 96$ 位量子比特编码,如图 4 所示。

$$\begin{bmatrix} B_{11} & B_{12} \\ B_{21} & B_{22} \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{Bmatrix} \rightarrow [B_{11} B_{12} B_{21} B_{22} a_1 a_2] \rightarrow q_j^t = \left[\begin{array}{c|c|c} \alpha_{111}^t & \alpha_{112}^t & \cdots \\ \beta_{111}^t & \beta_{112}^t & \cdots \\ \hline \alpha_{116}^t & \alpha_{121}^t & \alpha_{122}^t & \cdots & \alpha_{1216}^t & \cdots & \alpha_{a21}^t & \alpha_{a22}^t & \cdots & \alpha_{a216}^t \\ \beta_{116}^t & \beta_{121}^t & \beta_{122}^t & \cdots & \beta_{1216}^t & \cdots & \beta_{a21}^t & \beta_{a22}^t & \cdots & \beta_{a216}^t \end{array} \right]$$

图 4 染色体多量子比特编码方式

其中 q_j^t 代表第 t 代、第 j 代个个体的染色体, k 为编码每一个基因的量子比特数, m 为染色体的基因个数。 (α, β) 是构成量子比特的双态量子系统的两个量子态,满足 $|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1$ 。

3.2.5 旋转门演化机制和信息交换策略^[8] 常规遗传算法中采用选择、交叉和变异等操作使群体向最优解靠近。由于遗传操作的随机性和盲目性,要求必须有足够多的个体和个体间的遗传操作才能实现最优解。而 MPQGA 中,量子比特编码是一种概率表述,每个染色体可以同时表达多个态的叠加,本身就具备足够的多样性,因而在宇宙内部采用量子旋转门用来搜索最优解,在

宇宙之间执行移民和量子交叉，以充分利用所有染色体的信息，执行量子变异操作避免出现早熟收敛。因而 MPQGA 既具有快速的收敛特性，又具有良好的全局搜索能力。囿于篇幅限制，有关量子旋转门、量子交叉、量子变异和移民的具体操作，请参阅文献 [8]。

本文中移民规模取宇宙中个体数目的 20%，移民周期为组内每隔 5 代移民一次，组与组之间为每隔 10 代移民一次。量子交叉的选择概率为 30%。量子变异的概率为 10%。

3.2.6 初始化及约束条件的满足 联合累积量作为独立判据的前提条件是零均值，且满足 $E\{yy^T\} = I$ 的约束条件。因此有必要对待处理的信号进行中心化和白化处理，并且在遗传的每一代都要进行白化处理，以满足约束条件 [7,8]。

基于 MPGQA 的非线性盲源分离算法的具体步骤如下：

- (1) 读取源信号，本例中选取的是两路声音信号。
- (2) 对信号进行中心化和白化处理。
- (3) 按照确定的拓扑结构，在各宇宙内产生所需数量的分离矩阵作为初始个体，对个体进行量子比特编码。
- (4) 对各宇宙内的初始群体分别测量一次。过程为：
测量 $q \rightarrow$ 得到解 $p \rightarrow$ 获取去混合矩阵和非线性函数的参数 \rightarrow 得到分离后信号 \rightarrow 中心化、白化处理 \rightarrow 计算适应度函数 \rightarrow 找出最佳个体和最佳解，作为下一阶段各宇宙的演化目标。
- (5) 进入循环阶段。
 - (a) 在各宇宙内部进行下列操作：
对群体再测量 $q \rightarrow$ 得到解 $p \rightarrow$ 获取去混合矩阵和非线性函数的参数 \rightarrow 得到分离后信号 \rightarrow 中心化、白化处理 \rightarrow 计算适应度函数 \rightarrow 量子旋转门和量子非门演化 \rightarrow 找出最佳个体和最佳解，作为下一阶段各宇宙的演化目标；
 - (b) 在各宇宙之间执行移民和量子交叉；
 - (c) 重新循环，直至规定的遗传代数或演化目标。
- (6) 由最佳个体的最佳解获取分离矩阵，分离信号，中心化和白化，画图，结束。

4 实验结果与讨论

本文中选取两路声音信号。随机选取混合矩阵，非线性混合函数分别为 $f_1(x) = \tanh(x)$ ， $f_2(x) = \tanh(0.5x)$ 。非线性去混合函数分别为 $g_1(x) = \tanh(a_1x)$ ， $g_2(x) = \tanh(a_2x)$ 。经过 500 代 MPQGA 优化求解。源信号、混合信号和分离信号如图 5 所示。

为了验证算法的适应性，随机选取 5 个不同的混合矩阵，采用式 (9) 所示的标准信噪比定量评估混合后和分离后的信噪比，从而求出算法的增益。计算结果如表 1 所示。

$$SNR(y_i) = 10 \lg \frac{E\{|s_i|^2\}}{E\{|y_i - s_i|^2\}} \tag{9}$$

表 1 非线性盲源分离算法分离性能

| 次数 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
|-------------|--|--|--|--|--|
| 混合矩阵 | 0.8232 0.6825 0.2917 0.6268 | 0.4919 0.8515 0.6155 0.2796 | 0.3830 0.8077 0.6725 0.4543 | 0.0653 0.9267 0.9205 0.4125 | 0.7787 0.9827 0.1117 0.6804 |
| 混合后 SNR(dB) | SNR(x ₁) = 8.31 SNR(x ₂) = 6.91 | SNR(x ₁) = 2.08 SNR(x ₂) = 1.82 | SNR(x ₁) = 1.24 SNR(x ₂) = 3.39 | SNR(x ₁) = -3.85 SNR(x ₂) = 1.80 | SNR(x ₁) = 2.99 SNR(x ₂) = 8.02 |
| 分离后 SNR(dB) | SNR(y ₁) = 31.51 SNR(y ₂) = 28.96 | SNR(y ₁) = 34.96 SNR(y ₂) = 34.37 | SNR(y ₁) = 36.32 SNR(y ₂) = 36.01 | SNR(y ₁) = 46.21 SNR(y ₂) = 42.29 | SNR(y ₁) = 32.41 SNR(y ₂) = 44.14 |
| 增益 (dB) | Gain(1)=23.20 Gain(2)=22.05 | Gain(1)=32.88 Gain(2)=32.55 | Gain(1)=35.08 Gain(2)=32.62 | Gain(1)=50.06 Gain(2)=40.49 | Gain(1)=29.42 Gain(2)=36.12 |

表1中, $\text{Gain}(1)=\text{SNR}(y_1)-\text{SNR}(x_1)$, $\text{Gain}(2)=\text{SNR}(y_2)-\text{SNR}(x_2)$. 从表1可知, 随机选取混合矩阵, 采用本文的非线性盲源分离算法都能获取较好的效果, 无论是输出信号的信噪比, 还是增益的提高, 都明显优于文献[5]中提供的结果(混合后的SNR分别为 -6.3dB 、 -6.1dB , 分离后的SNR分别为 8.9dB 、 8.0dB), 说明了算法的有效性.

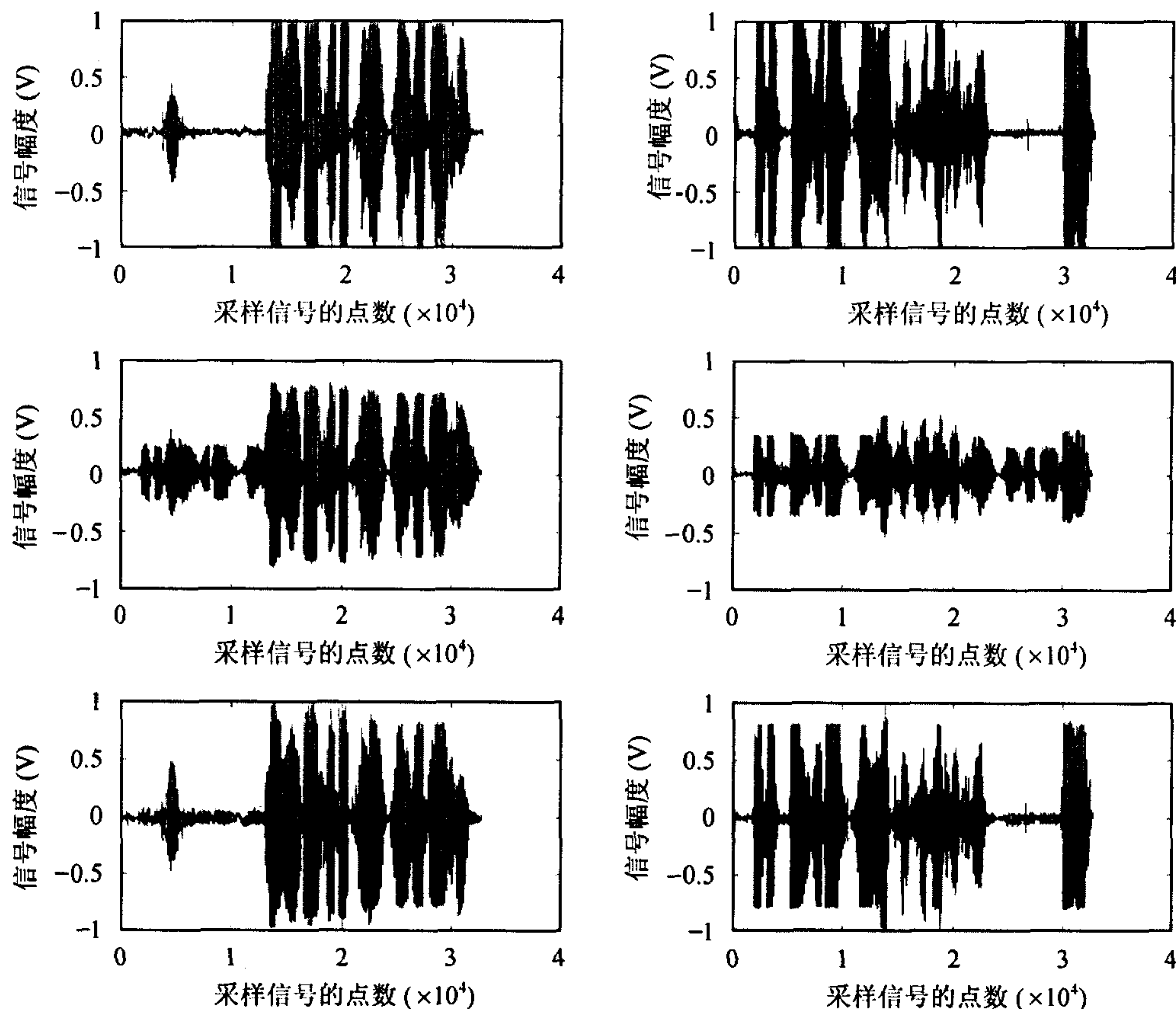


图5 源信号、混合信号和分离信号波形(图中, 上面两个信号为源信号, 中间为混合信号, 下面为分离信号)

5 结论

本文提出了基于输出信号联合累积量的非线性盲源分离算法, 并采用多宇宙并行量子遗传算法进行优化求解. 仿真结果表明了算法的有效性. 但比起线性盲源分离, 非线性盲源分离要复杂的多, 尚有许多工作要做. 尤其是对非线性混合函数的估计, 还没有一种通用的方法, 需要去试探非线性函数的类型. 这是今后需要进一步深入研究之处.

参 考 文 献

- [1] Herault J, Jutten C. Space or time adaptive signal processing by neural network models. *Neural networks for computing: AIP conference proceedings* 151, Snowbird, UT, 1986: 206-211.
- [2] Burel G. Blind separation of sources: A nonlinear neural algorithm. *Neural Network*, 1992, 5(6): 937-947.
- [3] Tan Y, Wang J, Zurada J M. Nonlinear blind source separation using a radial basis function network. *IEEE Trans. Neural Networks*, 2001, 12(1): 134-144.

- [4] Yang H. H, Amari S, Cichochi A. Information-theoretic approach to blind separation of sources in non-linear mixture. *Signal Processing*, 1998, 64(3): 291-300.
- [5] Lee T. W, Koehler B. U. Blind source separation of nonlinear mixing models. In *IEEE Proc. for Neural Network Signal Processing VII*. Florida, IEEE Press, 1997: 406-415.
- [6] Pajunen P, Hyvärinen A, Karhunen J. Nonlinear blind source separation by self-organizing maps. In *Progress in Neural Information Processing: Proceedings of the International Conference on Neural Information Processing*. New York: Springer-Verlag, 1996, 2: 1207-1210.
- [7] Yang Jun-an, Zhuang Zhenquan. Research of quantum genetic algorithm and its application in blind source separation. *Journal of Electronics(China)*, 2003, 20(1): 62-68.
- [8] 杨俊安, 庄镇泉. 多宇宙并行量子遗传算法. *电子学报*, 2004, 32(6): 923-928.
- [9] Hyvärinen A, Pajunen P. Nonlinear independent component analysis: Existence and uniqueness results. *Neural Network*, 1999, 12(3): 429-439.
- [10] Yang J A. Research & realization of image separation method based on independent component analysis & genetic algorithm. *International Congress on Image and Graph 2002(ICIG2002)*, Hefei, China, SPIE Press, 2002: 575-582.
- [11] 徐利治主编. *现代数学手册 (随机数学卷)*. 武汉: 华中科技大学出版社, 1999: 28.
- [12] 邹谋炎. *反卷积和信号复原*. 北京: 国防工业出版社, 2000: 46-53.

杨俊安: 男, 1965 年生, 副教授, 博士, 研究方向为盲信号处理、量子计算、遗传算法等.

邹 谊: 男, 1972 年生, 博士生, 研究方向为网络安全、遗传算法等.

庄镇泉: 男, 1938 年生, 教授, 博士生导师, 研究方向为智能信息处理、神经网络、遗传算法等.