

## 一种基于改进遗传算法的只测向无源定位技术

吴林晟 周希朗 高 为 单志勇  
(上海交通大学电子工程系 上海 200030)

**摘 要** 从单站序贯测向无源定位的误差分析出发,提出了基于遗传算法的最大似然只测向(Bearing-Only)定位方法,并以最小二乘法进行粗估计,对遗传算法采用了一维编码改进。实验表明,该方法既提高了算法的精度,又解决了二维定位中遗传算法搜索空间过大的问题,提高了算法的实用性。

**关键词** 无源定位, 只测向技术, 最大似然, 遗传算法, 一维编码

中图分类号: TN971

文献标识码: A

文章编号: 1009-5896(2006)12-2252-04

## A Bearing-Only Passive Location Method Based on Improved Genetic Algorithm

Wu Lin-sheng Zhou Xi-lang Gao Wei Shan Zhi-yong  
(Dept. of Electronic Engineering, Shanghai Jiaotong Univ., Shanghai 200030, China)

**Abstract** Analyzing errors of single observer-sequential BO (Bearing Only) passive location technology, a Maximum likelihood method is introduced based on 1-D coding improved genetic algorithm, in which basic least square algorithm is applied for pre-estimation. Simulations show that the method has both high precision and high practicality, for it overcomes the large search space of genetic algorithms in 2-D location.

**Key words** Passive location, Bearing-only technique, Maximum likelihood, Genetic algorithm, 1-D coding

### 1 引言

在现代民用及军事活动中,利用雷达或其它有源系统进行目标定位与跟踪已较为普遍。但无源定位技术因其具有隐蔽性强、作用距离远、算法灵活等优点,相比有源定位更引起人们的重视。在各种传统的定位方法中,只测向(Bearing-Only, BO)技术又因对硬件设备要求低而成为定位精度要求不很高时经常采用的一类方法<sup>[1]</sup>。BO技术利用辐射源的波达角(DOA)信息,使用解析或迭代的算法进行数据处理,最终得到目标定位估计。解析算法主要有最小二乘、伪线性算法等,而迭代算法主要有各类滤波算法、修正辅助变量法和最大似然法等<sup>[2-5]</sup>。同时,BO技术又可以利用多站测向和单站测向<sup>[6]</sup>。多站测量涉及到数据同步与融合,系统较为复杂,而单站序贯测向具有结构简单、实现灵活且可较自由地选择运动单站最优航迹<sup>[7]</sup>的优点,应用更为广泛。

实践证明,BO技术所采用的算法误差椭圆一般都是极为狭长的,因此如何有效地减小误差椭圆长轴上的偏移量成为提高单站序贯BO方法定位精度的关键。本文基于单站序贯测向无源定位的误差分析,提出在误差椭圆长轴方向基本确定的情况下,使用最大似然法进一步提高该方向上的精度,并以改进编码的遗传算法实现最大似然估计的方法。本方法不仅在原有的定位结果上精度得以大幅提高,而且在处理复杂的似然函数极值问题时大大缩小了搜索空间,提高了运算速度,使其更为实用。

### 2 理论分析

#### 2.1 最小二乘粗估计的最大似然法

单站序贯测向技术的定位原理与多站测向定位原理类似,在理想状况即DOA信息精确无误时,任意两点所得波达角射线即可交汇于一点,则得到辐射目标的位置。但实际上,由于DOA信息含有相当的误差,这些射线不会交于一点。于是,对于大量冗余信息需采取其它手段加以处理,以求得到精度较高的位置估计。不失一般性,以图1所示侦测平台沿 $x$ 轴方向作慢速的匀速直线运动而辐射源位于第一象限的情况进行分析。设辐射源位于 $(x_p, y_p)$ 处,而侦测平台从起点 $(x_1, y_1)$ 出发,以 $(v_x, v_y)$ 匀速运动,等间隔 $t_0$ 序贯采集辐射源的DOA信息,直到终点 $(x_N, y_N)$ ,共采集 $N$ 组信息。其中波达角 $\theta_i$ 误差均方根为 $\sigma_{\theta}$ ,  $i=1, 2, \dots, N$ , 而 $v_y=0$ 。

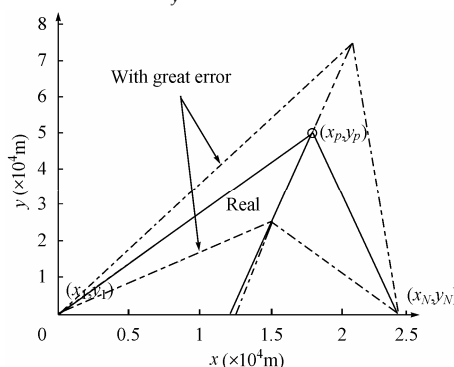


图1 误差椭圆长轴方向出现较大误差时顶角平分线的变化  
Fig.1 Variation in angular bisector with great error  
in the direction of major axis

文献[1]中给出了基本的最小二乘方法的误差椭圆长轴与  $x$  轴夹角为

$$\alpha = \frac{1}{2}(\theta_1 + \theta_N) \quad (1)$$

其偏心率为

$$\frac{\sigma_L}{\sigma_S} = \sqrt{\frac{\Delta\theta + \sin\Delta\theta}{\Delta\theta - \sin\Delta\theta}} \quad (2)$$

其中  $\theta_1$  ( $\theta_N$ ) 为侦测平台航迹起点(终点)与目标连线和  $x$  轴夹角, 通常有  $\theta_N > \theta_1$ , 而  $\Delta\theta = \theta_N - \theta_1$ 。当  $\Delta\theta$  约为  $13^\circ$  时, 偏心率可达 15 以上。这种情况也同样适用于采用连续多点数据平均预处理的最小二乘方法<sup>[8]</sup>。

当目标位于 (18km, 50km), 起点为坐标原点,  $v_x = 10\text{m/s}$ ,  $t_0 = 2\text{s}$ ,  $N = 360$  时, 基本最小二乘估计误差约为斜距  $y_p$  的 50%。根据式(1)可知, 该误差可分解为误差椭圆长轴即目标与侦测平台航迹所成三角形顶角平分线方向及短轴即与平分线垂直方向两部分。再由式(2)可计算得到这种情况下误差椭圆的偏心率约为 26, 则其误差主要在长轴方向, 而短轴方向  $\sigma_S$  仅为斜距的 2%。因此, 虽然基本最小二乘估计无法在平台运行时间较短情况下达到精度要求, 但其对于定位三角形顶角平分线方向的估计仍较准确。图 1 中虚线即显示了当误差较大时估计目标与航迹构成三角形顶角平分线的变化情况, 表明以最小二乘粗估计结果与航迹构成三角形顶角平分线近似长轴方向产生的偏差不大。

在最小二乘法中已使用最小方差作为优化目标, 所以在进一步提高精度时必须更换不同的目标函数。我们选择最大似然法进行估计。令  $\varepsilon_i = \theta_i - \arccos \frac{x - x_i}{\sqrt{(x - x_i)^2 + (y - y_i)^2}}$ , 则最大似然估计公式为

$$(\hat{x}, \hat{y}) = \arg \max_{(x, y) \in \mathbf{R}^2} \ln \prod_{i=1}^N f(\theta_i | x, y) = \arg \min_{(x, y) \in \mathbf{R}^2} \sum_{i=1}^N \varepsilon_i^2 \quad (3)$$

显然, 该函数中含有  $3N$  个与侦测平台测向相关的参数, 形式较为复杂。如采用解析方法求解, 必须将目标函数分别对  $x$  和  $y$  求偏导然后求解方程组, 这是较为困难的。文献[3]指出, 可采用高斯牛顿迭代法对其进行数值求解, 或采用修正辅助变量估计的方法近似求取。但这样仍然面临数值算法通常将会遇到的问题, 并具有陷入局部最优的可能性。因此, 本文将选择全局搜索能力较为突出的遗传算法来处理式(3)中的优化问题。

## 2.2 改进的一维实数编码遗传算法实现目标位置搜索

遗传算法能在搜索过程中自动获取和积累有关搜索空间的知识, 并自适应地控制搜索过程以求得最优解。它的主要特点是群体搜索策略和群体中个体间的信息交互, 通过随机选择、交叉、变异等遗传操作, 使群体不断进化并直至最优解。相比于其它传统搜索方法来说, 遗传算法具有较强的鲁棒性和搜索效率<sup>[9]</sup>。正因为遗传算法具有这些优势, 本文

选择一种改进实数编码的遗传算法来完成以最大似然估计为目标函数的无源定位方法中的搜索问题。

标准遗传算法通常采用二进制编码, 但对于在实数空间内求取最大值的问题如需达到足够的精度, 则需要将二进制编码长度增大。相比之下, 采用实数编码更为自然, 且能够达到较高的精度。在实践中, 针对二维空间内的定位问题, 往往会直接使用二维的实数坐标进行编码<sup>[10]</sup>。这样不但使搜索空间较大, 而且遗传算法中的个体基因也不够简单。我们完全可以利用一些先验的或粗估计得到的信息对编码方式加以改进, 以达到使算法演化过程尽可能简单的目的。

如前所述, 先对采集到的  $N$  组 DOA 信息进行基本最小二乘法的粗估计, 得到初步的辐射源位置估计  $(x_{LS}, y_{LS})$ , 以该粗估计结果与侦测平台航迹构成的三角形顶角平分线近似真实的辐射源位置与平台航迹构成三角形的顶角平分线, 其产生的偏差相对于误差椭圆长轴方向误差仍小得多, 作如此近似对定位精度影响不大。

设  $\hat{\theta}_1$  及  $\hat{\theta}_N$  分别是基本最小二乘粗估计位置和航迹起点及终点连线与  $x$  轴夹角, 则该平分线倾角为

$$\alpha = \frac{1}{2}(\hat{\theta}_1 + \hat{\theta}_N) \quad (4)$$

其解析式为  $x \sin \alpha - y \cos \alpha = x_{LS} \sin \alpha - y_{LS} \cos \alpha$  (5)

又因为本文算法所考虑的最小二乘法粗估计达到的定位误差一般小于斜距  $y_p$  的 50%, 所以不妨将遗传算法的搜索范围进一步缩小为该平分线上一段以  $(x_{LS}, y_{LS})$  为中心的线段, 并将其两个端点设定为  $U_1(u_{11}, u_{12})$  和  $U_2(u_{21}, u_{22})$ 。其计算公式为

$$\left. \begin{aligned} u_{11} &= x_{LS} - \frac{1}{2} y_{pm} \cos \alpha \\ u_{12} &= y_{LS} - \frac{1}{2} y_{pm} \sin \alpha \\ u_{21} &= x_{LS} + \frac{1}{2} y_{pm} \cos \alpha \\ u_{22} &= y_{LS} + \frac{1}{2} y_{pm} \sin \alpha \end{aligned} \right\} \quad (6)$$

其中  $y_{pm} = 2\sqrt{(x_{LS} - x_\alpha)^2 + (y_{LS} - y_\alpha)^2}$  (7)

这是依据基本最小二乘法粗估计的斜距上限, 该数值一般都比真实的斜距  $y_p$  大。式(7)中的  $(x_\alpha, y_\alpha)$  为式(5)中平分线与侦测平台航迹的交点, 即

$$\left. \begin{aligned} x_\alpha &= \frac{(x_{LS} \sin \alpha - y_{LS} \cos \alpha)(x_N - x_1) + (y_1 x_N - x_1 y_N) \cos \alpha}{(x_N - x_1) \sin \alpha - (y_N - y_1) \cos \alpha} \\ y_\alpha &= \frac{(x_{LS} \sin \alpha - y_{LS} \cos \alpha)(y_N - y_1) + (y_1 x_N - x_1 y_N) \sin \alpha}{(x_N - x_1) \sin \alpha - (y_N - y_1) \cos \alpha} \end{aligned} \right\} \quad (8)$$

由以上推导容易得出,  $U_1(u_{11}, u_{12})$  即  $(x_\alpha, y_\alpha)$ 。

这样, 可将基因编码选择为  $k_j \in \mathbf{R}$ , 其中  $j = 1, 2, \dots, p$ ,  $p$  为遗传算法的群体规模。该基因与具体坐标位置  $(x_{gj}, y_{gj})$

的对应关系为

$$\begin{cases} x_{gj} = k_j u_{11} + (1 - k_j) u_{21} \\ y_{gj} = k_j u_{12} + (1 - k_j) u_{22} \end{cases} \quad (9)$$

确定了改进实数编码后, 定义个体所对应的初始适应度函数

$$\text{fitness}_j = 1 / \left\{ \sum_{i=1}^N \left[ \theta_i - \arccos \frac{x_{gj} - x_i}{\sqrt{(x_{gj} - x_i)^2 + (y_{gj} - y_i)^2}} \right]^2 \right\} \quad (10)$$

但是当遗传算法演化代数之后, 如仍按上述公式计算适应度, 则个体适应度间差距较小, 算法搜索最优解的能力趋于匮乏, 为此采用如下方法对适应度函数进行动态定标:

$$\text{fitness}_j^{t'} = \text{fitness}_j^t - \text{fitness}_{\min}^t + \frac{1}{2} (\text{fitness}_{\text{ave}}^t - \text{fitness}_{\min}^t) \quad (11)$$

其中上标  $t$  表示第  $t$  代,  $\text{fitness}_{\min}^t$  和  $\text{fitness}_{\text{ave}}^t$  分别表示第  $t$  代中依据式(10)计算得到初始适应度的最小值和均值,  $\text{fitness}_j^{t'}$  表示第  $t$  代第  $j$  个样本的适应度  $\text{fitness}_j^t$  经动态定标修正后的值。

本文遗传算法采用在选择前保留最佳个体的蒙特卡罗选择<sup>[9]</sup>、算术交叉及非均匀变异<sup>[11]</sup>。而交叉与变异算子的具体实现如下:

$$k_i^{t'} = \begin{cases} k_i^t + (1 - k_i^t) \left[ 1 - r^{(1-(t/T))^b} \right], & 0 < \text{rand} < \frac{P_m}{2} \\ k_i^t + k_i^t \left[ 1 - r^{(1-(t/T))^b} \right], & \frac{P_m}{2} < \text{rand} < P_m \end{cases} \quad (12)$$

$$\begin{cases} k_i^{t+1} = a k_i^{t'} + (1 - a) k_j^{t'} \\ k_j^{t+1} = a k_j^{t'} + (1 - a) k_i^{t'} \end{cases}, \quad 0 < \text{rand} < P_c \quad (13)$$

其中  $P_m$ ,  $P_c$  分别为变异概率和交叉概率,  $T$  是遗传算法总迭代次数,  $r$  是一个 0 到 1 之间的随机数,  $a$  是算术交叉因子,  $b$  是非均匀变异与代数相关的因子。

综上所述, 该算法的流程图如图 2 所示。

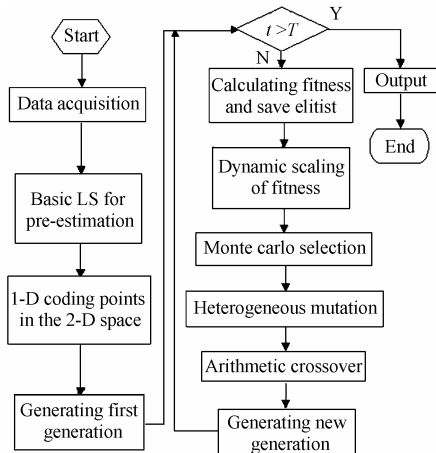


图2 基于改进遗传算法的 BO 无源定位方法流程图

Fig.2 Flow chart of the bearing-only passive location method based on improved genetic algorithm

### 3 仿真结果

为验证本文所提出方法的正确性和有效性, 进行了大量的计算机仿真。系统环境选取为: 侦测平台 DOA 信息的均方根误差为  $2^\circ$ ; 平台沿  $x$  轴方向以  $36\text{km/h}$  做匀速直线运动, 其速度偏差可忽略; 侦测平台每隔  $2\text{s}$  可得到一次 DOA 信息, 时间间隔的偏差可忽略; 固定辐射源与航迹的距离即斜距为  $50\text{km}$ 。遗传算法的种群规模越大、代数越多, 全局搜索能力就越强, 但相应计算量也会增大。综合考虑两方面因素, 群体规模  $p$  取为 30, 代数  $T$  取为 15。通常交叉概率  $P_c$  取  $0.25$  至  $1.00$  之间, 过小则搜索将陷入迟钝, 过大则破坏模式的概率也增大, 本算法取为  $0.5$ ; 算术交叉因子  $a$  取为  $2/3$ , 这样可以有效利用交叉操作缩小搜索空间。考虑到使用的变异操作是非均匀的, 随着代数的增加发生率将迅速减小, 故变异概率  $P_m$  取为  $0.3$ , 非均匀变异衰变因子  $b$  取为  $2$ 。以定位均方误差作为算法评估指标, 蒙特卡罗实验的次数为 1000。

侦测平台以默认参数运行, 运行时间自  $12\text{min}$  至  $30\text{min}$ 。表 1 给出了本文基于改进一维编码遗传算法的最大似然 BO 无源定位算法与基本 LS 法、修正文献[8]方法的 30 点平均 LS 算法的斜距误差百分比。

表 1 3 种算法的斜距误差百分比

| 运行<br>时间(min) | 本文<br>算法(%) | 基本<br>LS 法(%) | 30 点平均<br>LS 算法(%) |
|---------------|-------------|---------------|--------------------|
| 12            | 4.5011      | 47.0239       | 5.0566             |
| 15            | 3.5724      | 35.4217       | 3.8140             |
| 18            | 2.6417      | 27.0733       | 2.7738             |
| 21            | 2.1234      | 21.0682       | 2.2131             |
| 24            | 1.7059      | 16.6691       | 1.7770             |
| 27            | 1.3892      | 13.5297       | 1.4496             |
| 30            | 1.2711      | 11.1403       | 1.2994             |

由此可以看出, 本文算法比作为粗估计的基本 LS 算法在精度上有很大的提高, 并且优于性能较好的 30 点平均 LS 算法。事实上, 在 BO 定位技术中, 即使以多点平均 LS 算法作初值进行各类修正扩展的 Kalman 滤波也并不能有更多的改进。因此, 本文的算法在精度上具有相当的优势。此外还可以看到, 当平台运行时间较短时, 本文算法对多点平均 LS 算法的优势更明显, 即若追求运行时间短, 本算法亦具有更多优势。

当斜距变化时本文算法的性能如图 3 所示, 本算法误差随平台运行时间曲线的走势基本不变, 运行时间足够长时误差大小与斜距成正比。基当斜距增大时, 本算法总可以通过适当延长侦测平台的运行时间而达到精度要求, 即本算法对斜距是稳定的。

本文还对 DOA 信息均方根误差以及侦测平台速度对算法的影响进行了研究, 结果表明: 当 DOA 信息均方根误差在  $3^\circ$  以下且平台运行时间超过  $12\text{min}$  时本算法均有效, 且均

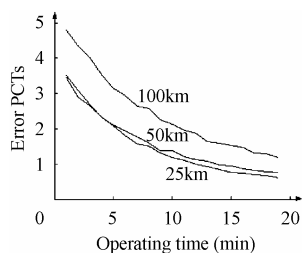


图 3 斜距变化对本算法的影响

Fig.3 The influence of the variation in slant range

方根误差越小算法精度越高。均方根误差大于  $3^\circ$  时, 亦可通过适当扩大顶角平分线上搜索范围或改进粗估计方法得到满意的结果。本算法的斜距误差与平台运行速度成反比, 如平台运行较慢则可通过略微延长运行时间达到精度要求。

这里还需说明的是, 由于本算法使用了遗传算法这样的搜索方法, 其相对于基于最小二乘的算法来说复杂度较高, 算法耗时略长。但实验表明, 本算法单次运行时间只需要 0.1s 至 0.3s, 这与长达 12min 至 30min 的侦测平台运行时间相比完全可以忽略, 而且在移动速度并不太快的情况下可以达到实时估测。

#### 4 结束语

本文从单站序贯测向无源定位的误差分析出发, 提出了基于遗传算法的最大似然 BO 定位方法, 并以最小二乘法进行粗估计, 对遗传算法采用了一维编码改进。通过大量的计算机仿真, 表明本文方法在定位精度上优于其它算法, 而算法效率方面亦较优秀, 尤其在一定参数环境下平台运行时间较短时优势更为明显。本文算法当平台运行时间达到一定阈值后可保证稳定性, 且仍然在精度上具有优势, 并有通过改进粗估计方法进一步提高的余地。本文算法完全可以应用到更为广泛的无源定位问题中。

#### 参 考 文 献

- [1] 孙仲康, 陈辉煌. 定位导航与制导. 北京: 国防工业出版社, 1987 年 12 月, 第一版: 第一章至第四章.
- [2] Manolakis D E. Efficient solution and performance analysis of

- 3-D position estimation by trilateration. *IEEE Trans. on Aerospace and Electronic Systems*, 1996, 32(4): 1239-1248.
- [3] 孙仲康, 周一宇, 何黎星. 单多基地有源无源定位技术. 北京: 国防工业出版社, 1996 年 5 月第一版: 37-43, 234-247.
- [4] Torrieri D J. Statistical theory of passive location system. *IEEE Trans. on Aerospace and Electronic Systems*, 1984, 20(2): 183-197.
- [5] Aidala V J. Kalman filter behavior in bearing-only tracking applications. *IEEE Trans. on Aerospace and Electronic Systems*, 1979, 15(1): 29-39.
- [6] Aidala VJ, Hammel S E. Utilization of modified polar coordinates for bearing only tracking. *IEEE Trans. on Automatic Control*, 1983, 28(3): 283-294.
- [7] Oshman Y, Davidson P. Optimization of observer trajectories for bearings-only target localization. *IEEE Trans. on Aerospace and Electronic Systems*, 1999, 35(3): 892-902.
- [8] 李华. 慢速侦察平台无源被动定位技术. 电子对抗技术, 1995, (4): 7-11.
- [9] 陈国良, 王煦法, 庄镇泉, 王东生. 遗传算法及其应用. 北京: 人民邮电出版社, 1996 年 6 月, 第一版: 第一章-第三章.
- [10] 李立春, 冉崇森, 魏峰. 采用改进遗传算法解决 TDOA 定位估计中的非线性优化问题. 系统工程与电子技术, 2003, 25(8): 971-973.
- [11] Michalewicz Z, Janikow C Z, Krawczyk J B. A modified genetic algorithm for optimal control problems. *Computers and Mathematics with Applications*, 1992, 23(12): 83-94.

吴林晟: 男, 1981 年生, 硕士生, 从事智能信息处理、无源定位方面的研究工作.

周希朗: 男, 1952 年生, 教授, 博士生导师, 主要从事电磁场与微波技术、智能信息处理与智能天线等方面的研究工作.

高 为: 男, 1980 年生, 硕士生, 从事无源定位等方面的研究工作.

单志勇: 男, 1971 年生, 博士, 主要从事信号处理、智能天线方面的研究工作.