

6-1-2020

Orthogonal Wavelet Transform Blind Equalization Algorithm Based on Tabu Search and Double-stranded DNA Computing

Yecai Guo

1. Jiangsu Key Laboratory of Meteorological Observation and Information Processing, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, China; ;2. Jiangsu Collaborative Innovation Center on Atmospheric Environment and Equipment, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, China;

Jieru Zhang

1. Jiangsu Key Laboratory of Meteorological Observation and Information Processing, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, China; ;

Binglong Zhang

1. Jiangsu Key Laboratory of Meteorological Observation and Information Processing, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, China; ;

Follow this and additional works at: <https://dc-china-simulation.researchcommons.org/journal>



Part of the Artificial Intelligence and Robotics Commons, Computer Engineering Commons, Numerical Analysis and Scientific Computing Commons, Operations Research, Systems Engineering and Industrial Engineering Commons, and the Systems Science Commons

This Paper is brought to you for free and open access by Journal of System Simulation. It has been accepted for inclusion in Journal of System Simulation by an authorized editor of Journal of System Simulation.

Orthogonal Wavelet Transform Blind Equalization Algorithm Based on Tabu Search and Double-stranded DNA Computing

Abstract

Abstract: Aiming at disadvantages of orthogonal wavelet transform constant modulus blind equalization algorithm (WTCMA), such as slower convergence rate, larger mean square error, and immersing in partial minimum easily, an orthogonal wavelet transform blind equalization algorithm based on Tabu search strategy and adaptive double-stranded DNA genetic algorithm (TD-DNAGA-WTCMA) was proposed. DNA populations were initialized by using double-stranded DNA form, to select the single-stranded DNA sequences whose fitness value are largest as the representative strands of the double-stranded individuals. *In order to ensure different paths which could be searched and escaped from local optimum*, Tabu search strategy was introduced into crossover operations. *The dynamic probability of crossover operations was used to speed up the convergence rate and overcome the shortcoming of premature convergence*. Computer simulations show that the proposed algorithm has faster convergence speed and smaller mean square error.

Keywords

WTCMA, double-stranded DNA, Tabu search strategy, convergence rate, mean square error

Recommended Citation

Guo Yecai, Zhang Jieru, Zhang Binglong. Orthogonal Wavelet Transform Blind Equalization Algorithm Based on Tabu Search and Double-stranded DNA Computing[J]. Journal of System Simulation, 2017, 29(1): 21-26.

基于禁忌搜索的双链 DNA 计算小波盲均衡算法

郭业才^{1,2}, 张洁茹¹, 张冰龙¹(1. 南京信息工程大学江苏省气象探测与信息处理重点实验室, 江苏 南京 210044;
2. 南京信息工程大学江苏省大气环境与装备技术协同创新中心, 江苏 南京 210044)

摘要: 针对小波盲均衡算法收敛速度较慢、稳态误差较大, 易陷入局部最优解的缺点, 提出了一种基于禁忌搜索策略的自适应双链 DNA 遗传优化小波盲均衡算法。将 DNA 种群初始化为双链的形式, 进而选择出适应度值大的单链 DNA 序列作为种群个体的代表链; 在交叉操作过程中, 将禁忌搜索策略引入到交叉操作中, 避免了迂回搜索, 保证了对不同有效路径的搜索, 跳出了局部最优; 采用动态交叉概率提高了收敛速度, 克服了 DNA 遗传算法早熟收敛的缺点。仿真结果表明: 该算法具有更快的收敛速度和更低的均方误差。

关键词: 小波盲均衡; 双链 DNA; 禁忌搜索策略; 收敛速度; 均方误差

中图分类号: TN911.7; TH701 文献标识码: A 文章编号: 1004-731X (2017) 01-0021-06

DOI: 10.16182/j.issn1004731x.joss.201701004

Orthogonal Wavelet Transform Blind Equalization Algorithm Based on Tabu Search and Double-stranded DNA Computing

Guo Yecai^{1,2}, Zhang Jieru¹, Zhang Binglong¹

(1. Jiangsu Key Laboratory of Meteorological Observation and Information Processing, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, China; 2. Jiangsu Collaborative Innovation Center on Atmospheric Environment and Equipment, Nanjing University of Information Science & Technology, Nanjing 210044, China)

Abstract: Aiming at disadvantages of orthogonal wavelet transform constant modulus blind equalization algorithm (WTCMA), such as slower convergence rate, larger mean square error, and immersing in partial minimum easily, an orthogonal wavelet transform blind equalization algorithm based on Tabu search strategy and adaptive double-stranded DNA genetic algorithm (TD-DNAGA-WTCMA) was proposed. DNA populations were initialized by using double-stranded DNA form, to select the single-stranded DNA sequences whose fitness value are largest as the representative strands of the double-stranded individuals. In order to ensure different paths which could be searched and escaped from local optimum, Tabu search strategy was introduced into crossover operations. The dynamic probability of crossover operations was used to speed up the convergence rate and overcome the shortcoming of premature convergence. Computer simulations show that the proposed algorithm has faster convergence speed and smaller mean square error.

Keywords: WTCMA; double-stranded DNA; Tabu search strategy; convergence rate; mean square error

引言

在传统的盲均衡算法中, 常模盲均衡算法收敛



收稿日期: 2015-04-27 修回日期: 2015-08-11;
基金项目: 国家自然科学基金(61673222), 江苏省高校自然科学基金重大项目(13KJA510001); 江苏省高校品牌专业建设项目(PPZY2015B134);
作者简介: 郭业才(1962-), 男, 安徽安庆, 博士, 教授, 博导, 研究方向为水声信号处理、通信信号处理、自适应盲均衡技术。

速度较慢、稳态误差较大, 不太适合精度要求较高的无线通信系统。通过对输入信号进行能量归一化的正交小波变换, 降低了输入信号的自相关性, 有效地提高了盲均衡算法的收敛速度。然而, 这些算法都是利用随机梯度搜索算法来更新权向量的, 其要求误差函数可微, 并且容易陷入局部最优解。遗传算法(Genetic Algorithm, GA)不依赖问题的具体

领域,具有很强的鲁棒性。然而,传统的遗传算法收敛速度较慢,容易陷入早熟收敛^[1-2]。而 DNA 遗传算法^[3-4]较好地克服了 GA 的不足。在 DNA 遗传算法中,采用禁忌搜索策略^[5-6],可以扩大搜索空间进而避免陷入局部最优解。

本文提出了一种基于禁忌搜索的双链 DNA 遗传小波盲均衡算法(TD-DNAGA-WTCMA),该算法通过对盲均衡算法的代价函数进行优化来获得盲均衡算法权向量的最优值。与基于遗传优化的盲均衡算法^[7](GA-WTCMA)和基于 DNA 遗传优化的盲均衡算法^[8](DNAGA-WTCMA)相比,该算法在收敛速度和均方误差方面都有所改善。

1 正交小波常模盲均衡算法

基于正交小波变换的常模盲均衡算法(WTCMA)原理^[9],如图 1 所示。

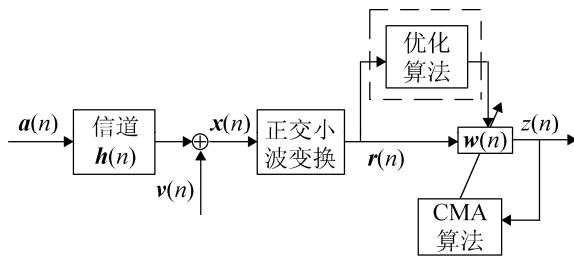


图 1 正交小波常数模盲均衡算法
Fig.1 Orthogonal wavelet constant modulus blind equalization algorithm

图中 $a(n)$ 为发射信号, $h(n)$ 为信道冲击响应, $v(n)$ 为信道加性高斯白噪声, $x(n)$ 为小波变换的输入信号, $r(n)$ 为经过小波变换后的信号, $w(n)$ 为均衡器的权向量, $z(n)$ 为经均衡后的输出信号。

$$r(n) = Qx(n) \quad (1)$$

$$z(n) = w^H(n)r(n) \quad (2)$$

$$e(n) = R_1 - |z(n)|^2 \quad (3)$$

式中: Q 为正交小波变换矩阵; H 表示共轭转置; R_1 称为 Godard 常数。WTCMA 的代价函数为

$$J(w) = E\{[R_1 - |z(n)|^2]^2\} \quad (4)$$

$$w(n+1) = w(n) + \mu \hat{R}^{-1}(n)r(n)e^*(n)z^*(n) \quad (5)$$

式中: $*$ 表示共轭; $e(n)$ 为误差函数, μ 为步长, $\hat{R}(n) = \text{diag}[\sigma_{j,0}^2(n), \sigma_{j,1}^2(n), \dots, \sigma_{j,k_j}^2(n), \sigma_{j+1,0}^2(n), \dots, \sigma_{j+1,k_j}^2(n)]$, $\sigma_{j,k_j}^2(n)$ 和 $\sigma_{j+1,k_j}^2(n)$ 分别表示 $r_{j,k}(n)$ 和 $s_{j,k}(n)$ 的平均功率估计, 且

$$\begin{cases} \hat{\sigma}_{j,k}^2(n+1) = \beta \hat{\sigma}_{j,k}^2(n) + (1-\beta) |r_{j,k}(n)|^2 \\ \hat{\sigma}_{j+1,k}^2(n+1) = \beta \hat{\sigma}_{j,k}^2(n) + (1-\beta) |s_{j,k}(n)|^2 \end{cases} \quad (6)$$

式中: β 为平滑因子, 且 $0 < \beta < 1$, 一般取略小于 1 的数; $r_{j,k}(n)$ 和 $s_{j,k}(n)$ 为信号经尺度函数 $\phi_{j,k}(n)$ 和小波函数 $\psi_{j,k}(n)$ 卷积生成的变换系数, 即

$$\begin{cases} r_{j,k}(n) = \sum_{i=0}^{N-1} x(n-i) \phi_{j,k}(i) \\ s_{j,k}(n) = \sum_{i=0}^{N-1} x(n-i) \psi_{j,k}(i) \end{cases} \quad (7)$$

式(1)~(7)构成了正交小波常模盲均衡算法(WTCMA)。然而, 这种算法不仅要求代价函数连续、可导, 而且还容易陷入局部最优。

2 基于禁忌搜索的双链 DNA 遗传算法

2.1 禁忌搜索算法

禁忌搜索算法是一种具有局部搜索能力的全局寻优智能搜索算法, 它利用禁忌表采用禁忌策略尽量避免迂回搜索, 以保证对不同的有效搜索路径进行搜索, 并跳出局部极小值点; 它通过采用禁忌表记录搜索水平的变化, 来指导下一步的搜索方向, 非常适应于局部搜索, 但是它的全局搜索能力较差, 而 DNA 遗传算法全局搜索性能较好, 因此将禁忌搜索算法和 DNA 遗传算法相结合, 有望实现对问题的精确搜索^[10]。

2.2 DNA 双链模型

DNA 在细胞核内是以双链反螺旋结构的形式存在的。为了进一步提高 DNA 遗传算法的性能, 本文采用双链 DNA 遗传算法, 将种群中的每一个个体用一个具有互补双链的分子序列来表示, 并将其应用到小波盲均衡算法中, 从而进一步提高盲均衡算法的性能。

2.3 禁忌搜索双链 DNA 遗传操作

2.3.1 DNA 编码

本文通过用 DNA 分子的腺嘌呤(A)、鸟嘌呤(G)、胞嘧啶(C)和胸腺嘧啶(T) 4 种碱基组成的碱基串对均衡器权向量进行编码, 采用 0, 1, 2, 3 这 4 个数字分别对应 4 种 DNA 碱基。在多种关系映射中, 采用的映射方式为: 0123/CGAT, 同时碱基的数字编码也要体现互补碱基对之间的配对规律。

2.3.2 禁忌交叉操作

将禁忌搜索的思想应用到 DNA 遗传算法的交叉算子中, 形成禁忌交叉算子。禁忌交叉算子使用禁忌表存储种群中个体的适应度值。渴望水平取父代群体适应度的平均值。进行禁忌交叉操作时, 如果子代的适应度值比渴望水平大, 则渴望水平取子代适应度值, 子代适应度值放入禁忌表中; 否则, 如果子代个体的适应度值在禁忌表中, 则取父代中适应度值最大的个体进入下一代, 如果子代个体的适应度值不在禁忌表中, 则将子代取代父代进入下一代, 并将子代适应度值放入禁忌表中。从以上操作过程可以看出, 具有较大适应值的个体进入下一代的机会是很大的, 但是由于使用了禁忌表, 限制了个体适应度相似度高的个体在子代出现的次数, 因此不是所有的适应度值大的个体都能进入到下一代, 从而能够保持种群中个体的多样性, 避免算法出现早熟收敛。禁忌交叉操作流程伪码为 ($S_{best_so_far}$ 表示渴望水平):

Begin

父体 S_k^1, S_k^2

$S_{best_so_far}$ = 种群平均适应度

If $Fitness(S_k^1) > Fitness(S_k^2)$ $S_k^{max} = S_k^1$;

Else

{ $S_k^{max} = S_k^2$

父体 S_k^1, S_k^2 经过置换、转位、重构交叉后生成子代 S_{k+1}^1, S_{k+1}^2 ;

$T(S_k^1, S_{k+1}^1, S_k^{max}); T(S_k^2, S_{k+1}^2, S_k^{max});$ }

End

Function $T(S_k^1, S_{k+1}^1, S_k^{max})$

If $Fitness(S_{k+1}^1) > S_{best_so_far}$

{子代 S_{k+1}^1 取代父体 S_k^1 ;

$Fitness(S_{k+1}^1)$ 加入禁忌表;

$S_{best_so_far} = Fitness(S_{k+1}^1)$; }

Else if $Fitness(S_{k+1}^1)$ 在禁忌表中

{取父体中适应值最大的个体进入下一代;

Else 子代 S_{k+1}^1 取代父体 S_k^1 ;

$Fitness(S_{k+1}^1)$ 放入禁忌表中; }

End

$T(S_k^2, S_{k+1}^2, S_k^{max})$ 与 $T(S_k^1, S_{k+1}^1, S_k^{max})$ 类似。

在禁忌交叉操作中包含 3 种类型的交叉算子, 分别为置换交叉算子、转位交叉算子和重构交叉算子。

2.3.3 自适应变异概率

为了提高 DNA 遗传算法的收敛速度并实现对最优解的全局搜索, 本文采用变异概率随进化代数变化而变化的动态变异概率。将个体 DNA 序列的前半段和后半段分别定义为高位部分和低位部分, 则高位部分和低位部分的变异概率分别为^[4]:

$$p_{mh} = a_1 + \frac{b_1}{1 + \exp[l(g - g_0)]} \quad (8)$$

$$p_{ml} = a_1 + \frac{b_1}{1 + \exp[-l(g - g_0)]} \quad (9)$$

式中: p_{mh} 和 p_{ml} 分别代表高位部分和低位部分的变异概率; a_1 表示初始时刻的变异概率值, $a_1 = 0.02$; b_1 表示变异概率的变化范围, $b_1 = 0.2$; g 表示当前的进化代数; g_0 表示变异概率变化最大时的进化代数; l 是变异概率最大时的斜率, $l = 0.2$ 。

2.3.4 选择操作

本文使用联赛选择方法产生新种群。联赛选择就是在种群中随机选择一定量的个体, 挑选出适应度值最大的个体进入下一代, 再将剩余的个体放回原种群, 重复以上过程, 直到子代个体数量达到要

求。另外,为了防止将种群中适应度值最好的个体丢失掉,本文采用精英保留机制,即把父代种群中适应度值最好的个体直接复制到下一代种群中。

2.4 自适应交叉概率

在 DNA 遗传算法中,交叉概率的大小决定了种群更新和算法搜索速度的快慢。本文将根据种群适应度值的变化情况来自适应调整算法中的交叉概率,从而提高 DNA 遗传算法的性能。

设第 k 代种群中第 i 个个体的适应度值为 $F_k^i, 1 \leq i \leq N$, N 为种群规模。 F_{k_max} 表示种群中最优个体的适应度值, $\bar{F}_k$ 为种群平均适应度值, $\bar{F}_{k_big}$ 表示大于平均适应度值的所有个体的平均适应度值,定义 α 分位适应度值 $\hat{F}_k^\alpha$ 为

$$\hat{F}_k^\alpha = \begin{cases} F_k^{(\lceil N_\alpha \rceil + 1)}, & N_\alpha \notin Z \\ \frac{(F_k^{N_\alpha} + F_k^{(N_\alpha + 1)})}{2}, & N_\alpha \in Z \end{cases} \quad (10)$$

式中: $0 < \alpha < 1, N_\alpha = \alpha N$, $\lceil \cdot \rceil$ 表示向上取整函数。

定义三均值适应度为

$$\bar{F}_{k_ave}^{3'} = \frac{1}{4} \hat{F}_k^{0.25} + \frac{1}{2} \hat{F}_k^{0.5} + \frac{1}{4} \hat{F}_k^{0.75} \quad (11)$$

定义早熟程度指标 P_r 为

$$P_r = (F_{k_max} - \bar{F}_{k_big}^{3'}) / F_{k_max} \quad (12)$$

式中: $\bar{F}_{k_big}^{3'}$ 为大于三均值适应度值的所有个体的平均适应度^[4]。

根据早熟程度指标 P_r , 定义基本交叉概率表达式为:

$$P_c = (1 + \exp(-\tau_c P_r))^{-1}, \tau_c > 0 \quad (13)$$

式中: $\tau_c = 2.2$, 由基本交叉概率可得相应的置换交叉、转位交叉、重构交叉操作的执行概率分别为

$$P_1 = 0.75P_c, P_2 = 0.5P_c, P_3 = 0.25P_c \quad (14)$$

3 禁忌搜索双链 DNA 遗传优化盲均衡算法

3.1 确定适应度函数

将均衡器权向量用 DNA 遗传算法编码表示成 DNA 核苷酸序列, 设置初始种群 $\text{Chrom} =$

$[w_1, w_2, \dots, w_M]$, M 为种群个体数量, $w_m, 1 \leq m \leq M$ 对应一个均衡器权向量。设接收信号序列的长度为 N , 利用时间平均代替统计平均, 则 WTCMA 的代价函数可写为

$$J(w_m) = \frac{\sum_{i=1}^N (R_1 - |z_m(i)|^2)^2}{N} \quad (15)$$

式中: m 表示均衡器权向量个体的序号; $z_m(i)$ 为每个均衡器权向量个体的输出信号。式(15)作为 DNA 遗传优化算法的目标函数, 搜索到该目标函数的最小值作为小波盲均衡算法的初始权向量。为了获得种群中适应度值最大的个体, 将适应度函数定义为代价函数的倒数, 即

$$\text{Fit}(w_m) = \frac{b}{J(w_m)} \quad (16)$$

式中: b 表示比例系数。

3.2 算法步骤

步骤 1: 首先按照 2.3.1 节的编码方式将均衡器权向量编码为 DNA 核苷酸单链, 设置种群规模为 M 个个体。对于种群中的单链个体再生成与之配对的互补链, 形成双链 DNA 种群。将经过小波变换后的信号作为 DNA 遗传算法的输入信号, 分别计算每一个个体的两条互补的单链的适应度值, 选取适应度最大的单链序列作为该个体的代表链。根据代表链个体适应度值的大小将所有个体进行排序, 前一半个体为优质种群, 后一半个体为劣质种群, 并且将种群中个体适应度值最大的个体作为精英个体保留。

步骤 2: 构建禁忌表并设置当前种群的平均适应度值为渴望水平。首先随机选取两个父体执行交叉操作, 对被选中的父体分别执行置换交叉和转位交叉操作, 其执行的概率分别为 P_1 和 P_2 。若父体均未执行置换交叉和转位交叉操作, 则按重构交叉概率 P_3 执行重构交叉操作。得到交叉操作的子代个体后, 按照 2.3.2 节的禁忌交叉操作流程更新渴望水平并选择子代个体。重复以上交叉操作直到产生 $M/2$ 新个体, 然后将这 $M/2$ 新个体放入到原

种群中, 得到 $3M/2$ 个个体。

步骤 3: 在新得到的子代个体中对每一个个体按 2.3.3 节执行变异操作。变异操作完成后, 重复执行 $M-1$ 次联赛选择操作, 挑选出 $M-1$ 个个体, 与精英个体一起组成种群规模为 M 的新种群, 种群进化代数加 1。此时种群中的个体都是单链 DNA 序列, 为每一个单链个体生成对应的互补链, 形成双链 DNA 序列, 并分别计算原个体单链和互补链的适应度值。

步骤 4: 判断是否达到进化终止条件。如果终止条件不满足, 则继续步骤 2~4, 直到满足进化终止条件为止; 如果满足进化条件, 则将种群中适应度值最大的单链个体作为最优个体输出, 并将其解码, 解码后的值作为均衡器的初始权向量。

4 仿真实验

为了验证本文算法的性能, 以基于遗传优化的的小波盲均衡算法(GA-WTCMA)和基于 DNA 遗传优化的的小波盲均衡算法(DNAGA-WTCMA)为比较对象, 进行仿真实验。实验采用 16PSK 信号, 信道 $h=[0.3132 \quad -0.1040 \quad 0.8908 \quad 0.3134]$, 步长分别为 $\mu_{\text{GA-WTCMA}}=0.0001$, $\mu_{\text{DNAGA-WTCMA}}=0.0002$, $\mu_{\text{TD-DNAGA-WTCMA}}=0.00025$; 均衡器权长为 16, 信噪比为 20dB, 训练样本个数 $N=10000$ 。WTCMA 均衡器初始权向量采用中心抽头初始化, 步长取 0.0005; 正交小波均采用 Db4 小波, 分解层数为 2 层; 遗忘因子 β 取值为 0.99, 功率初始化值为 10。种群规模为 60, 最大进化代数为 100。在 GA-WTCMA 中, 单点交叉概率为 0.7, 变异概率为 0.08。DNAGA-WTMMMA 中的置换交叉概率为 0.75, 转位交叉概率为 0.4; 重构交叉概率为 0.15。仿真结果, 如图 2~3 所示。

图 2~3 表明, 所提算法的收敛速度最快、稳态误差最小, 星座图更加紧凑、清晰。这可能是由于采用了禁忌搜索策略并且根据种群整体适应度值自适应地调整了交叉操作概率, 避免了局部收敛。

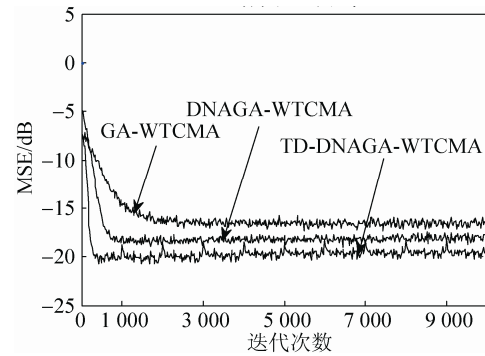
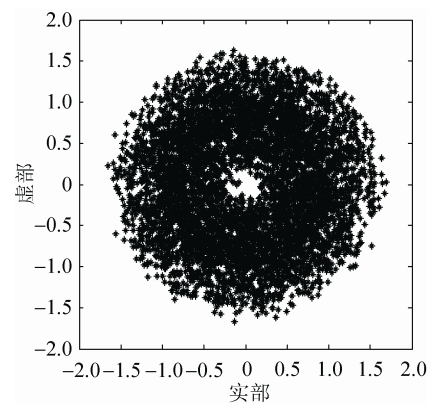
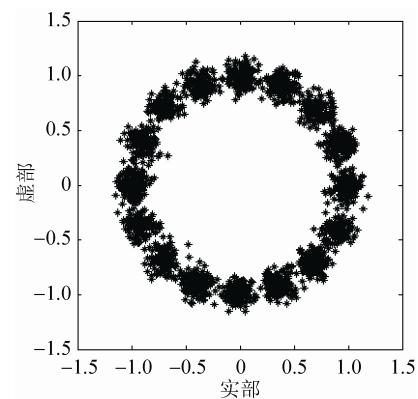


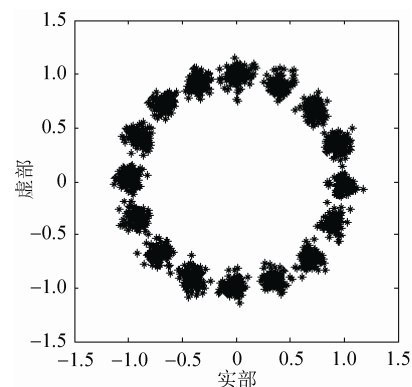
图 2 均方误差
Fig.2 Mean square error



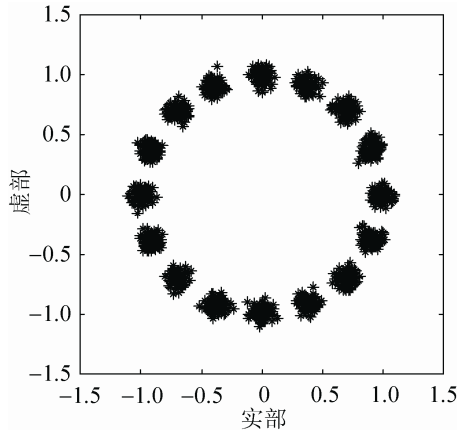
(a) 输入



(b) GA-WTCMA 输出



(c) DNAGA-WTCMA 输出



(d) TD-DNAGA-WTCMA 输出

图 3 星座图

Fig.3 Constellation diagrams

5 结论

本文提出的基于禁忌搜索的双链 DNA 遗传小波盲均衡算法, 将禁忌搜索算法的思想引入到 DNA 遗传优化算法中, 避免了 DNA 遗传算法的迂回搜索, 保证了对不同的有效搜索路径进行搜索, 提高了搜索效率、跳出了陷入局部最优。通过引入 DNA 双链模型, 使得在交叉操作过程中, 能根据种群的适应度值自适应地调整交叉操作概率, 进一步提高了 DNA 遗传算法的收敛速度并降低了均方误差, 从而提高了算法的均衡性能。这表明, 本文算法更适合通信系统的信号实时恢复。

参考文献:

- [1] 阚哲, 孟国营, 王晓蕾, 等. 基于遗传算法的炉膛温度场重建算法研究 [J]. 电子测量与仪器学报, 2014, 28(10): 1149-1154.(Kan Zhe, Meng Guoying, Wang Xiaolei, et al. Research of boiler temperature field reconstruction algorithm based on genetic algorithm [J]. Journal of Electronic Measurement and Instrumentation, 2014, 28(10): 1149- 1154.)
- [2] Arash Rikhtegar, Mohammad Pooyan, Mohammad Taghi, et al. Genetic algorithm-optimised structure of convolutional neural network for face recognition applications [J]. IET Computer Vision (S1751-9632), 2016, 10(6): 559-566.
- [3] Li Y J, Lei J. A feasible solution to the beam-angle-optimization problem in radiotherapy planning with a DNA-based genetic algorithm [J]. IEEE Transactions on biomedical engineering (S0016-9294) 2010, 57(3): 499-508.
- [4] 李刚, 刘景法. 基于禁忌搜索的启发式算法求解带平衡约束的圆形体安装问题 [J]. 中国科学: 信息科学, 2011, 41(9): 1076-1088. (Li Gang, Liu Jingfa. Heuristic algorithm based on tabu search for the circular packing problem with equilibrium constraints [J]. Scientia Sinica (Informationis), 2011, 41(9): 1076-1088.)
- [5] Federico L, Brunilde S. A Tabu Search Algorithm for the Location of Data Centers and Software Components in Green Cloud Computing Networks [J]. IEEE Transactions on Cloud Computing (S2168-7161) 2013, 1(1): 22-35.
- [6] 廖娟, 郭业才, 刘振兴, 等. 基于遗传优化的正交小波分数间隔盲均衡算法 [J]. 兵工学报, 2011, 32(3): 268-273.(Liao Juan, Guo Ye-cai, Liu Zhen-xing, et al. A fractionally spaced blind equalization algorithm based on orthogonal wavelet transform and genetic optimization [J]. Acta Armamentarii, 2011, 32(3): 268- 273.)
- [7] 郭业才, 张冰龙, 吴彬彬. 基于 DNA 遗传优化的正交小波常模盲均衡算法 [J]. 数据采集与处理, 2014, 29(3): 366-371.(Guo Yecai, Zhang Binglong, Wu Bingbing. Orthogonal wavelet transform constant modulus blind equalization algorithm based on optimization of DNA genetic [J]. Journal of Data Acquisition and Processing, 2014, 29(3): 366-371.)
- [8] 黄伟, 郭业才, 王珍. 模拟退火与人工鱼群变异优化的正交小波盲均衡算法 [J]. 计算机应用研究, 2012, 29(11): 4124-4126.(Huang Wei, Guo Ye-cai, Wang Zhen. Orthogonal wavelet transform blind equalization algorithm based on artificial fish swarm optimization of mutation operator and simulated annealing [J]. Application Research of Computers, 2012, 29(11): 4124-4126.)
- [9] 郭业才, 胡苓苓, 丁锐. 基于量子粒子群优化的正交小波加权多模盲均衡算法 [J]. 物理学报, 2012, 61(5): 054304(1)-054304(7).(Guo Ye-cai, Hu Ling-ling, Ding Rui. Orthogonal wavelet transform weighted multi-modulus blind equalization algorithm based on quantum particle swarm optimization [J]. Acta Physica Sinica, 2012, 61(5): 054304(1)-054304(7).)
- [10] Gao H, Kwong S T W, Fan B J, et al. A hybrid particle-swarm tabu search algorithm for solving job shop scheduling problems [J]. IEEE Transactions on Industrial Informatics (S1551-3203), 2014, 10(4): 2044-2054.