DOI:10.20079/j.issn.1001-893x.230605004

开放科学(资源服务)标识码(OSID

成熟因子映射的双系统选星方法*

李 想1,孙 鼎1,安 毅2,陈 勇3,滕云龙1

(1. 电子科技大学 机械与电气工程学院,成都 611731;

2. 中国西南电子技术研究所,成都 610036;3. 海装重大项目中心,北京 100071)

摘 要:传统的选星方法通常以遍历为手段,在可见星较多的情形下往往计算量很大。常规的遗传 算法通常固定交叉和变异概率,产生不必要的时间消耗。针对这些问题,提出了引入成熟因子映射 交叉概率和变异概率的双系统遗传选星算法,目的在于快速地找到最优解或可接受的次优解。该方 法以几何精度因子(Geometric Dilution of Precision,GDOP)为适应度,构造单染色体种群,定义成熟 度来指导交叉变异操作,再经过每代精英保留策略和隔代种群数量控制,最终搜索得到符合门限的 可接受解。实验结果表明,在进化 200 代的条件下,成熟因子映射遗传算法比常规遗传算法的搜索 时间平均节省约 24.75%,引入种群数量控制机制后搜索时间进一步节省了约 55.32%。该方法可 以快速获得稳定数学期望的可用选星集合。

关键词:全球卫星导航系统(GNSS);选星;几何精度因子(GDOP);遗传算法;成熟因子

,			- ,			1.100	
		回波	822)	■ 微	信扫	描二	维码
`		22	Ĩ.	听	独家	语音	释文
)	÷	<u>جع</u>		十与	作者	在线	交流
		Ő3	217	享	本刊	专属	服务

中图分类号:TN967.1 文献标志码:A 文章编号:1001-893X(2024)03-0402-07

A Satellite Selection Method with Maturity Factor Mapping for Dual-system Satellite Navigation

LI Xiang¹, SUN Ding¹, AN Yi², CHEN Yong³, TENG Yunlong¹

 (1. School of Mechanical and Electrical Engineering, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu 611731, China; 2. Southwest China Institute of Electronic Technology, Chengdu 610036, China;
3. Major Marine Decoration Project Center, Beijing 100071, China)

Abstract: Traditional satellite selection method usually relies on traversal, which often results in large amounts of computation when there are many visible satellites. Conventional genetic algorithms usually fix the crossover and mutation probabilities, resulting in unnecessary time consumption. To address these problems, the authors propose a dual-system genetic satellite selection algorithm that introduces a maturity factor mapping crossover probability and mutation probability, with the aim of finding an optimal solution or an acceptable suboptimal solution quickly. The method constructs a single-chromosome population with Geometric Dilution of Precision (GDOP) as the fitness, defines the maturity level to guide the crossover mutation operation, and then searches for an acceptable solution satisfying the threshold after a pergeneration elitist preservation strategy and an alternate-generation population size control. The experimental

results show that, under the condition of 200 generations of evolution, the mature factor mapping genetic algorithm saves about 24.75% of the search time on average over the conventional genetic algorithm, and the introduction of the population size control mechanism further saves about 55.32%. This method can obtain the available satellite set with stable mathematical expectations quickly.

Key words: global navigation satellite system(GNSS); satellite selection; geometric dilution of precision (GDOP); genetic algorithm; maturity factor

0 引 言

在卫星导航接收机进行选星过程中,传统方法

主要以几何精度因子(Geometric Dilution of Precision, GDOP)为依据,采用遍历的方式搜索最优

· 402 ·

 ^{*} 收稿日期:2023-06-05;修回日期:2023-09-26
基金项目:四川省科技厅高新技术领域重点研发项目(2021YFC0155);装备预先研究共用技术项目(50911030202)
通信作者:李想 Email:202121040312@ std. uestc. edu. cn

集合,或通过几何构型选出经验解。对于遍历的方 法来说,可见星的数目决定其运算次数。对于几何 构型方法来说,几何构型随着选星数量的增加越来 越复杂,且实际操作时为找出体积最大的解,往往也 要进行遍历。由于当前接收机可以接收到大量可见 星^[1-3],传统的选星方法难以在短时下得出合适的 选星集合。在实际的工程场景下,基于遍历的传统 选星方法难以胜任。

遗传算法对于优化非线性等复杂问题具有独特 的优势^[4]。当前已存在一些遗传算法选星的研究。 与传统方法相比,遗传算法可以不经过遍历就可以 得到次优解或最优解。宋丹等人[5]提出了一种基 于遗传算法的选星方法,在交叉和变异中穿插了优 选过程,避免了进行个体淘汰,并通过实验确定了遗 传算法选星的参数规律,并给出了推荐的参数方案。 陈灿辉等人^[6]提出了一种基于二进制编码的交叉 算子,用变异操作来辅助交叉,使得基因交换既可以 双向传递也可以单向传递,使得交叉概率高于 50% 时与互补交叉概率有所区别,这种变异算子实际上 把变异操作和交叉操作糅合,变相增大了变异概率。 霍航宇等人[7]提出了一种基于遗传算法的组合系 统选星方法,从选星数量角度减少了运算量。这些 研究基本上都固定了交叉和变异的概率,且如果算 子相互糅合.参数量化规律会有一定的偏差。 Zhu^[8]对交叉和变异概率进行了改进,但是这种方 法是基于适应度的密集程度来进行映射的,需要遍 历当前种群的适应度,计算相对复杂,且密集程度的 判断标准由于算例不同很难界定。综上所述,对于 交叉和变异概率的改进仍需要继续研究。

针对上述问题,本文提出了基于种群数量控制 与成熟因子映射的双系统遗传选星算法。相较于其 它遗传算法选星方案,本文提出计算相对简单的成 熟因子来反映种群基因的相似程度,并根据成熟因 子调整交叉和变异的概率,一方面避免种群过早成 熟陷入局部最优,另一方面节省交叉和变异的操作 时长。此外,本文方法通过引入种群数量控制策略, 可以避免较后子代种群数量过大而迭代过慢的情 况,在保证选星集合的 GDOP 搜索精度的同时可以 有效降低计算量。

1 基本定义

1.1 成熟因子

成熟因子 F_M 是对整个种群在交叉、变异操作 后种群个体变得更加优良的可能性的一种表征。依 据当前种群成熟因子的大小对交叉与变异操作进行 修改,以引导种群更好地"进化"。

在基因库过于单调且变异机率较低的情况下, 个体的变化几乎只依赖于重组,使得种群多样性不 足,选星结果容易陷入局部最优,即出现早熟现象, 因此本文将种群个体间的相似程度作为构建成熟因 子 $F_{\rm M}$ 的基础,具体为当前种群前 5 个数量最多的 基因的占比之和:

$$F_{\rm M} = \frac{\sum_{i=j,k,l,m,n} \operatorname{Num}(X_i)}{\sum \operatorname{Num}(X_i)}$$
(1)

式中: Num(·) 表示 · 的数目; X_j , X_k , X_l , X_m , X_n 分 别为当前种群中数量最多的前 5 个基因。

基于成熟因子映射实际上是通过对当前种群基 因库的多样性进行评估,具体映射于交叉概率和变 异概率的阶梯变化。基因重复度过高,成熟度也越 高,代表当前的种群基因库已经进行了较多重组尝 试,此时在保留优势个体的前提下增加种群的多样 性;相反,种群基因重复度不高时,应该优先探索当 前基因库的潜力,找出其中可能造成 GDOP 优势的 基因组合。

1.2 适应度及双系统 GDOP 计算

几何精度因子表征由几何布局而产生的定位误 差相对于伪距测量误差的放大倍数,用于评估选星 集合的优劣^[9]。根据文献[10],GDOP的评价标准 见表1。

Tab. 1 Evaluation criteria for GDOP							
GDOP	等级	GDOP	等级				
1	最优	7~8	中				
2~3	优	9~20	合格				
4~6	良	>20	差				

表 1 GDOP 评价标准 Fab. 1 Evaluation criteria for GDO

本文将构成染色体的 5 颗卫星计算得出对应染 色体组合的 r²_{GDOP} 值的倒数作为适应度函数:

Adapt(C) =
$$\frac{1}{r_{GDOP}^2(X'_i, X'_j, X'_k, X'_l, X'_m)}$$
 (2)

式中:*C* 为当前拥有 5 个基因的单染色体个体;*X'_j*, *X'_k,X'₁,X'_m,X'*,代表构成该个体的 5 个基因。

在计算双系统 GDOP 时,观测矩阵钟差参数系数的位置取决于参与运算的卫星所属的系统。双系统几何观测矩阵的形式如下^[11]:

$$\boldsymbol{H} = \begin{bmatrix} \boldsymbol{\alpha}_{n\times1}^{1} & \boldsymbol{\beta}_{n\times1}^{1} & \boldsymbol{\gamma}_{n\times1}^{1} & \boldsymbol{I}_{n\times1} & \boldsymbol{\theta}_{n\times1} \\ \boldsymbol{\alpha}_{m\times1}^{2} & \boldsymbol{\beta}_{m\times1}^{2} & \boldsymbol{\gamma}_{m\times1}^{2} & \boldsymbol{\theta}_{m\times1} & \boldsymbol{I}_{m\times1} \end{bmatrix}$$
(3)

式中: $(\boldsymbol{\alpha}_{n\times 1}^{1}, \boldsymbol{\beta}_{n\times 1}^{1}, \boldsymbol{\gamma}_{n\times 1}^{1})$ 是用户近似位置指向集合中 包含的系统 1 的 *n* 颗卫星的方向余弦; $(\boldsymbol{\alpha}_{m\times 1}^{2}, \boldsymbol{\beta}_{m\times 1}^{2}, \boldsymbol{\gamma}_{m\times 1}^{2})$ 是用户近似位置指向集合中包含的系统 2 的

· 403 ·

m 颗卫星的方向余弦; $I_{n\times 1}$, $I_{m\times 1}$ 分别是元素为1的 列向量,同时也是对应钟差参数的系数; $\theta_{n\times 1}$, $\theta_{m\times 1}$ 分 别是元素为0的列向量。

2 基于成熟因子映射的选星方法

选星问题实际上是寻找以 GDOP 值为评价标 准的最优或次优卫星组合,因此本文对遗传因子 (对应于具体的卫星位置信息)采用序列编码,即按 照星历中卫星的顺序对卫星进行对应的实数编码, 将所需数量的卫星序号组合为染色体。当需要计算 染色体的适应度时,在可选卫星列表中查找序号对 应的卫星具体位置信息进行计算。由于各系统卫星 在星历文件中的顺序是邻近的,通过序号也可以对 所选卫星的系统进行标定,从而调整几何观测矩阵 的形式,使其适应双系统 GDOP 的计算。对于选星 时可能会碰到 5 颗卫星均来自同一系统的情况,以 固定几何观测矩阵的形式依然可以通过虚拟一个相 同的钟差参数完成计算。

基于成熟因子映射的选星方法流程如图 1 所 示,选星算法主要包括获取初始种群、父代选取和复 制、成熟因子指导交叉、成熟因子指导变异、种群数 量控制以及收敛判断等关键步骤。





1) 获取初始种群

遗传算法是一种随机搜索算法^[12],初始种群的 选取应该既体现出随机性又能尽量体现样本的统计 特征。Sobol 序列是一种构造方法简单、分布均匀的 低差异序列,相较于伪随机数产生的序列更加均匀。 因此,本文首先生成3组长度为可选卫星总数的 Sobol 序列,对 Sobol 序列值的大小进行排序,并记录 下原序列的索引,得到分布均匀的低差异整数序列。 将序列分割为长度为5的序列段构成各个单染色体 个体的染色体,长度不足5的暂不构成染体,但仍然 保留作为变异备选,这些个体构成初始种群。因此, 初始种群的大小基本上和待选的可见星颗数的 3/5 保持一致。

2) 父代选取和复制

为保留每代最优 GDOP 指标,需要将适应度最高的个体复制到下一代,将适应度病态的个体直接 剔除,剩下的种群按等间距多指针轮盘法进行选择 和复制。

3) 成熟因子指导交叉

交叉实际上是基因库内部组合的尝试,本文采 取均匀交叉,即每个基因位点均有可能发生单个位 点的基因交换。由于均匀交叉实际是两个单染色体 个体各自位点基因进行交换,从概率上可以认为每 条染色体交换基因占比期望与交换概率相等,而两 条染色体交换一定比例的基因和交换互补比例的互 补位点基因是一样的,因此认为单纯交换操作中交 换概率能够发挥作用的上限实际上是 50%。在成 熟度较高的时候可以认为当前种群基因库已经经过 较为充分的组合,为节省运算,可以降低此时的交换 概率。本文将成熟因子 F_M 分段映射为交叉概率 P_{cross} 指导每个基因交换的操作。交叉概率 P_{cross} 映 射函数为

$$P_{\text{cross}} = \begin{cases} 0.5, & F_{\text{M}} \in (0, 0.2] \\ -0.25F_{\text{M}} + 0.55, & F_{\text{M}} \in (0.2, 0.4] \\ -F_{\text{M}} + 0.85, & F_{\text{M}} \in (0.4, 0.6] \\ -0.25F_{\text{M}} + 0.4, & F_{\text{M}} \in (0.6, 0.8] \\ 0.2, & F_{\text{M}} \in (0.8, 1] \end{cases}$$

4) 成熟因子指导变异

将交叉后的个体进行均匀变异操作。变异实际 上是种群内部基因库和整个可见星集合基因库的基 因交流。已有文献说明遗传算法解决选星问题时, 为避免陷入局部最优,变异概率应当取较高的值,但 是变异操作需要随机选取和检索剩余基因库需要较 长的运算时间,高变异率意味着频繁的变异操作,也 会导致遗传算法相同迭代数内的搜索时长增加。在 成熟度较低的时候,种群基因多样性较丰富,可以降 低变异概率,让基因充分组合,探索合适的选星集 合,并减少变异操作的时长;在成熟度较高的时候, 种群基因多样性较匮乏,可以提高变异概率,加强基 因交流。本文将成熟因子 $F_{\rm M}$ 分段映射为交叉概率 $P_{\rm mutate}$ 指导每个基因交换的操作。交叉概率 $P_{\rm mutate}$ 映射函数为

	$(0. 1F_{\rm M}+0.03,$	$F_{\rm M} \in (0, 0, 2]$
	0. $25F_{\rm M}$,	$F_{\rm M} \in (0.2, 0.4]$
$P_{\text{mutate}} = -$	3. $75F_{\rm M}$ +0. 01,	$F_{\rm M} \in (0.4, 0.6]$ (5)
	0. $25F_{\rm M}$ +0. 7,	$F_{\rm M} \in (0.6, 0.8]$
	0.9,	$F_{\rm M} \in (0.8, 1]$

经过交叉变异的种群连同适应度最高的精英个 体一同组成下一代种群的备选集合。

5)种群数量控制

由于选星算法初始种群个体数与可见星个数有 关,因此在可见星较多的情况下,种群个体数较多, 需要多次计算适应度,运算成本较高。本文采取判 断种群是否超过限额的策略进行数量控制,将适应 度最低的一批个体淘汰。由于最优保留策略,种群 数每代会累加1,限额淘汰可以使种群数量在限额 附近波动,既可减少总的运算次数,也能在种群繁盛 期进行更多的交叉重组尝试,从而减少后续子代种 群过大、代内计算过久的情况。本文采取的限额为 初始种群数量的1.5倍,每次淘汰对应 GDOP 值最 差的 20%个体。

6) 收敛判断

由于遗传算法是随机搜索算法,虽然在采取精 英保留策略^[13]的情况下可保证收敛到最优解,但收 敛时间存在着不确定性,实际应用时应使用可接受 最大 GDOP 门限或者进化代数门限进行收敛判断, 当满足收敛条件时跳出进化迭代,输出选星集合。

3 实验与分析

从欧洲轨道测定中心(Center for Orbit Determination in Europe, CODE)发布的 MGEX 轨道 钟差文件 2023 年 1 月 30 日 0 时 0 分 0 秒中的轨道 数据中,选取来自两个系统的 30 颗俯仰角大于 10° 的卫星(其中 GPS 卫星 10 颗, BDS 卫星 20 颗),选 取的接收机三维坐标为[-2 168 839.180 m, 4 386 630.094 m,4 077 164.910 m]。

3.1 选星性能对比

传统的遍历法选出的是最优解,搜索时间也比 较稳定,可以作为评价选星结果的标准,因此将结果 单独列出。对于上述 30 颗可见卫星集合而言,遍历 算法选星结果如表 2 所示。

表 2 遍历算法选星结果

Tab. 2 Results of the traversal algorithm for satellite selection							
选星			选星				
编码	X	Y	Ζ	- GDOF	时间/s		
10	-1 203.311	15 316.086	21 835.683				
12	-16 293.962	29 581.040	-25 278.337				
13	-10 248.543	40 767.967	-1 275.542	2.489	13.173		
19	-24 399.161	1 142.049	-13 483.662				
24	18 858.317	19 118.929	-7 646.307				

由于遗传算法通常具有不确定性,所以实验结 果应该采取统计结果。按照前文所述选星参数标准 和可见星数为 30,此时初始种群数量为 18,种群数 量限额为 27。本文对比所用的常规遗传算法主体 结构参考了文献[14],各个主要环节有多种可选的 方案,为了更直观地体现改进点的效果,基于控制变 量原则,除去成熟因子和种群数量控制相关的改进 点外所选用机制均与本方法保持一致,交叉概率和 变异概率则设为文献[5,8]提供的最优方案,即 $P_{cross}=0.9, P_{mutate}=0.9$ 。测试发现, $P_{mutate}=0.9$ 时配 精英保留策略能够尽快跳出局部最优,但相同代数 需要的搜索时间更长,与文献[5]结论一致; P_{cross} 对 相同代数搜索精度的影响则不明显。

设定进化代数为 200,分别进行常规遗传算法、 成熟因子映射遗传算法和引入种群数量控制的成熟 因子遗传算法各 500 次搜索,记录每代 GDOP 最优 值,统计 500 次实验每代最优组合对应 GDOP 平均 值构成 200 代内的最优个体 GDOP 进化曲线,如图 2 所示。



图 2 进化 200 代种群最优 GDOP 进化对比 Fig. 2 Comparison of optimal GDOP evolution for populations of 200 evolutionary generations

记录下进化代数 200 代平均搜索时间,如表 3 所示。

表 3 进化 200 代平均搜索时间

Tab. 3 Average search time of 200 evolutionary generations

选星方法	平均搜索时间/s
常规遗传算法	4.367
成熟因子映射遗传算法	3.286
种群控制的成熟因子遗传算法	0.870

由图2和表3可知,成熟因子映射交叉变异概 率遗传算法相较常规固定交叉变异概率遗传算法在 相同进化代数的搜索效率没有明显的差别,但是在 相同代数内,成熟因子映射遗传算法比固定交叉变 异概率的常规遗传算法平均节省约 24.75% 的搜索 时间,这是由于成熟因子映射成功减少了不必要的 交叉和变异操作。在此基础上引入种群数量控制机 制,相同代数下的搜索效率有所下降,但进化200代 内搜索时间进一步节省了约55.32%。这是由于种 群数量控制实际上减少了每代遍历的个体数,一方 面,每代检索效率难免会有所下降;另一方面,随着 代数推进,相较于不断增长的种群数量,每一代搜索 时间的优势会越来越大。实际上在本节参数设定 下,成熟因子映射交叉变异概率遗传算法迭代到最 优组合总耗时比常规遗传算法减少约4.20%,引入 种群数量控制的成熟因子遗传算法迭代到最优组合 总耗时仍然比常规遗传算法减少约5.41%。

相较于耗费大量时间搜索最优星座集合,在实际选星时,更倾向于选出保证解算精度的可用解。 根据表1中GDOP评估标准,本文设置GDOP的门限为3,对3种方案分别进行10000次搜索,统计搜索时间平均值,如表4所示。

Tab. 4 Average search time when GDOP threshold is 3				
选星方法	平均搜索时间/s			
常规遗传算法	0.096			
成熟因子映射遗传算法	0.094			
种群控制的成熟因子遗传算法	0.089			

表4 GDOP 门限为3时平均搜索时间

根据图 2 可得,设定门限为 3 时 3 种方法的搜 索性能相近,且迭代数平均不到 20 代,在迭代次数 较小的情况下,成熟因子映射和种群数量控制在大 多数实验中起的作用不大,但是实测数据中成熟因 子映射遗传算法较常规算法提高了 2.31%,种群控 制的成熟因子遗传算法进一步提升了 7.20%,主要 是这两种策略在进化代数较多的情形下,可以缩短 .406. 最差情况下的搜索时间,从而在可见星可组合得出 的较优解比较少时依然可以保持优秀的搜索性能。

3.2 不同数量可见星下的搜索情况

为了验证不同可见星下的搜索性能,设定代数为20,在30颗星中随机按比例选择10颗、15颗、20颗、25颗、30颗作为可见星,各进行10000次搜索,统计搜索情况,如表5所示。

表 5 进化 20 代平均搜索情况

Tab. 5 Average search for 20 generations of evolution							
可见星	遍历	遍历搜		GDOP		平均搜	搜索平
颗数	最优	索时	亚拓齿	扫烟辛	目上店	索时	均相对
	GDOP	⊞/s	千均沮	孙佃左	取八祖	间/s	比值
10	3.413	0.005	3.477	0.17	4.081	0.035	1.019
15	3.072	0.064	3.219	0.164	3.941	0.046	1.048
20	2.907	0.488	3.296	0. 194	3.983	0.059	1.134
25	2.549	2.247	2.876	0. 185	3.528	0.071	1.128
30	2.489	13.025	2.89	0.175	3.539	0.084	1. 161

由表5可见,限定迭代20代条件下,在可见星 数量 15 以上时,本文方法稳定且快于遍历法,各可 见星方案下所用时长均小于 0.1 s, 相对于最优 GDOP 的差距始终不超过 20%,在最差的情况下进 化 20 代 GDOP 仍然在 4 以内,根据表 1 评级仍可达 到良。在可见星数量为10时,本文方法性能不足以 替代遍历法,这是因为遍历法在10颗星中选取5 颗,遍历所需要的次数较少,遗传算法的优势难以彰 显,但搜索 20 代所需的时间并不长,平均 GDOP 值 仅比最优 GDOP 值大 1.86%,虽然最差的情况下 GDOP 值略大于 4, 但相较于最优 GDOP 值也只大 20.22%,相对于可见星数15以上时相对搜索精度 更高。实际使用时可根据可见星数量多少酌情调整 进化代数,以平衡搜索精度和搜索时间。在本文所 用星历数据下,在选定时刻和选定测站位置 GPS+ BDS 卫星仰角超过 10°的卫星仅有约 30 颗,因此未 对超过 30 颗可见星的情况下进行搜索。本文所述 方法取进化代数 20 代时在双系统选星的大多数情 况下均可满足定位解算需求。

3.3 搜索性能稳定性评估

从图 2 可看出搜索最优 GDOP 与进化迭代数具 有某种近似指数函数关系。由于每代相对于 GDOP 的搜索的贡献度不同,推测指数函数的指数部分可 能为正态分布,则 GDOP 或服从对数正态分布。

选取前节可见星为 30 颗时搜索的最优个体对 应的 GDOP 数据集绘制概率密度图并对 GDOP 数 据进行对数正态分布拟合,如图 3 所示。图中纵坐 标为 GDOP 取值的概率密度而非 GDOP 取值的概率,由于概率密度函数在 GDOP 的数据取值全域积分为 1,所以某一有限数值区间的概率密度可以大于 1。



图 3 可见星 30 颗 20 代 GDOP 概率密度分布情况 Fig. 3 Probability density distribution of GDOP for 20 generations of evolution at 30 visible satellites

根据图 3 可见,除去 2.8 和 2.9 区间内某一特 解概率密度极高外拟合程度较高。上述推测具有一 定的参考性。进一步将上节数据都进行对数正态分 布拟合,绘制对数正态分布拟合函数汇总,如图 4 所示。



Yes a probability density distribution of GDOP for 20 generations of evolution at for some cases of the number of visible satellites

图 4 中各情形下的遍历最优 GDOP 值也用同色 点状线标出,可见对于可见星 15 颗及以下拟合函数 的均值已相当接近最优 GDOP 值,一方面可以印证 前文可以适当减少迭代数来进一步减少搜索时间的 论断;另一方面也说明当前拟合存在相对较大的失 真,由于最优 GDOP 值左侧数据均为 0,导致拟合得 出的曲线均值偏右,实际分布优于当前的拟合函数。 对于可见星 15 颗以上的情况,最优 GDOP 值左侧数 据占比较小,分布相对比较符合实际情况,相较于简 单统计平均值和标准差,基于拟和分布函数的期望 和置信区间更能准确评估当前搜索方案下的获得组 合的 GDOP 值落在的区间。根据拟合分布获得的 各情况下期望和 3σ 置信区间如表 6 所示。

> 表 6 对数正态分布拟合获得的各情况下 GDOP 均值和置信区间

Tab. 6 GDOP means and confidence intervals for each case obtained by fitting the lognormal distribution

期望	置信区间
3.477	[3.003,4.017]
3.219	[2.761,3.743]
3.296	[2.763,3.920]
2.876	[2.362,3.487]
2.890	[2.406,3.458]
	期望 3.477 3.219 3.296 2.876 2.890

由表6可以看出,除可见星为10颗之外,剩余 情况下 GDOP 搜索置信区间上限均低于4,由于3σ 原则,GDOP 搜索值落在区间外的可能性几乎为0, 可认为不发生,因此可认为几乎不会出现超过表6 所示置信区间上限的情况。基于表5所示最大值虽 然高于置信区间上限,但是差距不大,仍然可以印证 这一观点(由于进行了10000次实验,出现超过置 信区间上限的最大值是正常的,且拟合本身就存在 误差)。拟合实验数据说明本文所述算法具有一定 的稳定度,可以进行重复搜索来提高结果的可信度。 在应用场景中,由于本文所述方法搜索速度较快,完 全可以进行重复选星搜索,取最低 GDOP 对应的选 星组合进行定位解算。

4 结 论

在卫星导航接收机定位解算过程中,为避免传 统遍历选星方法需要耗费较长计算时间的问题以及 常规遗传选星算法固定高交叉变异概率造成冗余计 算的情况,本文提出了引入成熟因子映射的双系统 卫星导航接收机选星方法。该方法在保证可接受 GDOP的同时,可以有效降低搜索成本。实验结果 表明,相较于传统遍历选星算法需要较长搜索时间, 该算法的搜索时间大幅缩短,且得出的 GDOP 可以 满足定位需求;相较于常规遗传算法,该方法可以明 显减少冗余计算,降低搜索时间。在进化 200 代的 条件下,成熟因子映射遗传算法比固定交叉变异概 率的常规遗传算法的搜索时间平均节省约 24.75%,引入种群数量控制机制,每代搜索效率有 所下降,但搜索时间进一步节省了约 55.32%。在 可见星 15颗以上的情形下,本方法搜索时间稳定优 于传统遍历法,各可见星方案下所用时长均小于 0.1 s,且相对于最优 GDOP 的差距始终不超过 20%,在大多数情况下,本方法均可胜任选星任务。 另一方面,由于遗传算法是随机搜索算法,单次搜索 找到最优解的时长是未知的,在极端情况下,可能存 在选出的卫星集合的 GDOP 数值极差或较低门限 下解算时间极长的情形,虽然通过概率分布拟合可 以认为发生这种概率的可能性极低,但本方法推荐 以固定的迭代数为门限,保证每次搜索的时间几乎 保持一致,避免由于长时间搜索不到较低门限而无 法得出可用的集合。本文从概率密度分布的角度对 于搜索的期望进行评估,说明了在重复搜索下的结 果期望是稳定的。

参考文献:

- SHI J,LI K,CHAI L,et al. Fast satellite selection algorithm for GNSS multi-system based on Sherman-Morrison formula
 [J]. GPS Solutions,2023,27(1):44-52.
- [2] YU Q, WANG Y, SHEN Y. A fast GNSS satellite selection algorithm for continuous real-time positioning [J]. GPS Solutions, 2022, 26(3):68-80.
- [3] LV S, LI K, WANG N, et al. Rapid satellite selection algorithm based on Clifford algebra [C]//Proceedings of 2022 China Satellite Navigation Conference. Berlin: Springer, 2022:46-56.
- [4] 孙建邦,李建兵,王鼎,等.基于实数编码遗传算法的稀 布阵列综合[J].电讯技术,2022,62(9):1272-1277.
- [5] 宋丹,许承东,胡春生,等.基于遗传算法的多星座选 星方法[J]. 宇航学报,2015,36(3):300-308.
- [6] 陈灿辉,朱红,詹景坤,等.一种新的遗传算法交叉算 子及其在 GNSS 星座选择中的应用[J]. 计算机测量 与控制,2015,23(10):3452-3454.
- [7] 霍航宇,张晓林.组合卫星导航系统的快速选星方法

- [8] ZHU S. Anoptimal satellite selection model of global navigation satellite system based on genetic algorithm [C]//Proceedings of 2018 China Satellite Navigation Conference. Berlin: Springer, 2018:585-595.
- [9] 黄媛媛,何在民,王璐璐,等. 无区域识别的单台链双 曲线定位 GDOP 计算[J].电讯技术,2020,60(8): 923-927.
- [10] 王尔申,岳孝东,何赫,等."北斗"卫星导航系统仿真与 全球覆盖分析[J].电讯技术,2016,56(8):919-922.
- [11] 徐小钧,马利华,艾国祥. 基于多目标遗传算法的多 星座选星方法[J]. 上海交通大学学报,2017,51 (12):1520-1528.
- [12] KRISHNAN B I, RAGHAVENDRA P, UPENAD. A dual phase genetic algorithm for improved initial access in 5G millimeter wave communication [J]. Physical Communication, 2023, 59(1):102081-102091.
- [13] RUDOLPH G. Convergence analysis of canonical genetic algorithms[J]. IEEE Transactions on Neural Networks, 1994,5(1):96-101.
- [14] 周明,孙树栋.遗传算法原理及应用[M].北京:国防 工业出版社,1999

作者简介:

李 想 男,1999 年生于河南周口,硕士研究生,主要 研究方向为卫星导航定位技术。

孙 鼎 男,1996 年生于湖北孝感,2023 年获硕士学位,主要研究方向为卫星导航定位技术。

安 毅 男,1983 年生于云南楚雄,2015 年获博士学位,现为高级工程师,主要从事导航、阵列信号处理等技术研究。

陈 勇 男,1979 年生于山西临猗,2007 年获硕士学位,现为高级工程师,主要从事装备研制管理和通用质量特性等技术研究。

滕云龙 男,1982 年生于黑龙江绥化,2011 年获博士学位,现为副研究员,主要从事卫星导航定位技术研究。