

# 基于自适应细菌觅食优化策略的 CR-NOMA 功率分配算法

彭艺<sup>1,2</sup>, 马晓霖<sup>1</sup>, 杨青青<sup>1\*</sup>

(1. 昆明理工大学信息工程与自动化学院, 云南 昆明 650500; 2. 昆明理工大学云南省计算机技术应用重点实验室, 云南 昆明 650500)

**摘要:** 针对多个主次用户场景中采取 underlay 模式的认知无线电非正交多址接入 (cognitive radio non-orthogonal multiple access, CR-NOMA) 系统的低频谱利用率问题, 提出一种基于自适应细菌觅食优化策略的功率分配算法。首先进行联合用户匹配, 将次用户分组问题等效为次用户-子信道双向动态匹配问题。其次, 构造次用户功率比例因子向量并将其映射为细菌个体的位置向量, 在趋向操作中改进细菌游动步长、旋转方向; 复制操作中结合差分进化算法对前半数优质解进行变异选择; 迁徙操作中定义迁徙范围, 采用自适应迁徙概率, 加快寻找最佳位置向量进程。最后得到最佳功率比例因子以最大化系统总吞吐量。结果表明, 本文所提算法与层级配对功率分配 (hierarchical pairing power allocation, HPPA) 算法和 CR-OMA 算法相比, 能够有效加快收敛速度, 增强全局寻优能力, 具有更好的系统性能。

**关键词:** 认知无线电; 非正交多址接入; 功率分配; 细菌觅食

**中图分类号:** TN929.5 **文献标志码:** A

**引用格式:** 彭艺, 马晓霖, 杨青青. 基于自适应细菌觅食优化策略的 CR-NOMA 功率分配算法[J]. 山东大学学报(理学版), 2024, 59(1): 62-71.

## Power allocation algorithm for CR-NOMA based on adaptive bacterial foraging optimization strategy

PENG Yi<sup>1,2</sup>, MA Xiaolin<sup>1</sup>, YANG Qingqing<sup>1\*</sup>

(1. School of Information Engineering and Automation, Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, Yunnan, China; 2. Yunnan Key Laboratory of Computer Technology Application, Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, Yunnan, China)

**Abstract:** A power allocation algorithm based on an adaptive bacterial foraging optimization strategy is proposed to aim at the problem of low spectrum utilization of cognitive radio non-orthogonal multiple access (CR-NOMA) system with underlay mode in multiple primary and secondary user scenarios. Firstly, the joint user matching is carried out, and the secondary user grouping problem is equivalent to the secondary user-subchannel bidirectional dynamic matching problem. Secondly, the power scale factor vector of the secondary user is constructed and mapped into the position vector of the bacterial individual, and the bacterial swimming step and rotation direction are improved in the trend operation. In the replication operation, the differential evolution algorithm is used to perform mutation selection on the first half of the high-quality solutions. In the migration operation, the migration range is defined, and the adaptive migration probability is used to speed up the process of finding the best position vector. Finally, the optimal power scaling factor is obtained to maximize the total throughput of the system. The results show that compared with the hierarchical pairing power allocation (HPPA) algorithm and the CR-OMA algorithm, the proposed algorithm can effectively accelerate the convergence speed, enhance the global optimization ability, and have better system performance.

**Key words:** cognitive radio; non-orthogonal multiple access; power allocation; bacterial foraging

收稿日期: 2023-02-08; 网络出版时间: 2023-11-08 14:23:21

网络出版地址: <https://link.cnki.net/urlid/37.1389.N.20231107.1141.006>

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(61761025); 云南省计算机重点实验室项目(2021102)

第一作者简介: 彭艺(1975—), 女, 副教授, 博士, 研究方向为无线通信等. E-mail: 527037928@qq.com

\* 通信作者简介: 杨青青(1981—), 女, 讲师, 博士, 主要研究方向为无线通信和信息处理等. E-mail: 1016188826@qq.com

## 0 引言

随着移动互联网和物联网的快速发展,第五代移动通信技术<sup>[1]</sup>应运而生,非正交多址接入(non-orthogonal multiple access, NOMA)技术<sup>[2]</sup>受到了广泛关注。本文重点关注的是功率域 NOMA 技术,基本思想是允许多个终端同时共享同一资源单元,多个信号在发射端进行功率域的多路复用,形成多用户叠加信号,主动引入干扰信号,然后再采用串行干扰消除(successive interference cancellation, SIC)技术消除干扰,实现有限频谱资源的复用<sup>[3]</sup>,认知无线电(cognitive radio, CR)技术通过感知授权频谱的工作情况,使得非授权用户也可以接入授权频谱通信,大幅度提高频谱效率<sup>[4]</sup>,所以,将 NOMA 技术应用到认知无线网络场景是有效解决频谱资源不足的关键技术之一<sup>[5]</sup>。

文献[6]中的研究表明,在认知无线网络中,次用户采用 NOMA 技术接入系统能够显著提高频谱利用率。文献[7]针对底层认知无线网络中的 NOMA 下行链路传输,提出了一个联合功率分配和次用户分配问题,使 NOMA 用户的可实现速率最大化。文献[8]对于协作式底层 CR-NOMA 网络,提出了一种两阶段自适应中继选择和功率分配策略,最大化远端用户的可达数据速率并推导出了 2 个次用户中断概率的闭合表达式。文献[9]针对 CR-NOMA 系统提出了一种顺序迭代的功率分配算法,在不违反主用户干扰阈值的前提下,最大化次用户的接入数量及其吞吐量。文献[10]考虑从用户的服务质量,以实现接入系统中从用户数量最大化为目标函数,对 CR-NOMA 系统提出功率分配算法。文献[11]以最大化系统能效为目标函数,利用中继转发用户信息,对接收端进行功率分配研究。文献[12]基于认知多输入单输出 NOMA 系统,最大程度降低 CR-NOMA 系统的功耗,从而进行节能资源分配。文献[13]研究了为使近端用户保密速率最大化,在 2 种解码方式下 CR-NOMA 系统的联合功率分配问题。以上大多数考虑了对 CR-NOMA 系统的能耗、可达速率问题,少数涉及到用户吞吐量问题且主、次用户数量较少,频谱利用率较低,因此对于提升存在多个主、次用户的 CR-NOMA 系统吞吐量的优化算法还有待进一步研究。

基于存在多个主、次用户的 CR-NOMA 系统场景下,本文提出一种基于自适应细菌觅食优化(adaptive bacterial foraging optimization, ABFO)策略的功率分配算法,在次用户服务质量(quality of service, QoS)、最大发射功率约束下,首先将次用户分组问题等效为次用户-子信道双向动态匹配问题,使次用户复用在主用户子信道。在此基础上,构造次用户的功率比例因子向量,将其看作细菌个体的位置向量,改进细菌的游动步长、旋转方向、迁徙范围、迁移概率,并将差分进化算法与复制操作相融合,模拟细菌觅食过程来优化加速最佳位置向量的搜索进程,进而使系统中每个次用户获得最佳功率分配因子,实现次用户总吞吐量最大化,进一步提高系统性能。

## 1 系统模型和问题描述

### 1.1 系统模型

图1为基于 underlay 频谱共享模式的 CR-NOMA 系统模型示意图,假设在一个密集用户小区内有一个主基站和一个认知基站, $N$ 个主用户和  $K$ 个次用户均匀的分布在基站周围,其中  $k \in \{1, 2, \dots, K\}$ ,  $n \in \{1, 2, \dots, N\}$ ,认知基站通过  $N$ 个授权主用户的子信道传输  $K$ 个次用户的信号。系统的总带宽为  $B_{\text{tot}}$ ,则每条子信道的带宽为  $B_s = B_{\text{tot}}/N$ ,认知基站的发射功率  $P_{\text{tot}}$ ,每条子信道的功率  $P = P_{\text{tot}}/N$ ,次用户采用 NOMA 技术接入系统,假设每个主用户信道复用  $L$ 个次用户进行信息传输。

假设在子信道  $n$  上,  $L$ 个次用户发送的叠加信号为

$$x_n = \sum_{k=1}^L \sqrt{P_{k,n}} x_k, \quad (1)$$

其中: $x_k$ 表示次用户  $k$ 的信号; $P_{k,n}$ 表示子信道  $n$ 上次用户  $k$ 的分配功率。

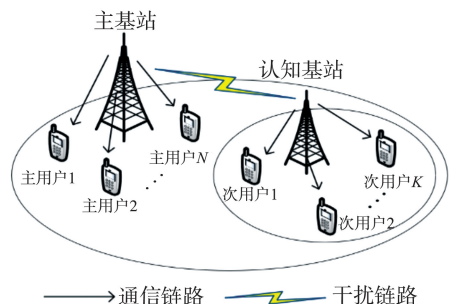


图1 系统模型

Fig.1 System model

假设认知基站和次用户都配备有单个天线,那么次用户  $k$  在主用户子信道  $n$  上的接收信号为

$$y_{k,n} = h_{k,n} \sqrt{\beta_{k,n} P} x_{k,n} + h_{k,n} \sum_{i=1, i \neq k}^L \sqrt{\beta_{i,n} P} x_{i,n} + h_k \sqrt{P_n} x_n + Z_{k,n}, \quad (2)$$

其中:  $h_{k,n} = g_{k,n} \cdot PL^{-\varepsilon}(d_{k,n})$  是子信道  $n$  上认知基站到次用户  $k$  的信道增益,  $g_{k,n}$  是瑞利衰落因子,  $\varepsilon$  为路径损耗系数(通常取值 2~5),  $PL(d_{k,n})$  为路径损耗函数,  $d_{k,n}$  为认知基站与次用户之间的距离;  $\beta_{k,n}$  表示功率比例因子;  $h_k$  为子信道  $n$  上主基站到次用户  $k$  的信道增益;  $P_n$  为主基站发送到主用户  $n$  的信号功率;  $x_{i,n}$  为主基站发送给主用户  $n$  的信号;  $Z_{k,n} \sim N(0, \sigma_n^2)$  是均值为 0、方差为  $\sigma_n^2$  的加性高斯白噪声(additive white gaussian noise, AWGN)。

由式(2)可知,主用户频谱可以由  $L$  个次用户共享,被选择的次用户除了接收其信号,还会受到同一子信道上主用户的干扰和其他次用户的干扰,所以,在接收端未采用 SIC 技术解码之前,主用户子信道  $n$  上的第  $k$  个次用户的信干噪比(signal to interference plus noise ratio, SINR)为

$$\gamma_{\text{SIN}_{k,n}} = \frac{\beta_{k,n} P |h_{k,n}|^2}{\sum_{i=1, i \neq k}^L \beta_{i,n} P |h_{k,n}|^2 + |h_k|^2 P_n + \sigma_n^2}. \quad (3)$$

为简化公式,将加性高斯白噪声与主用户的干扰功率表示为  $Z_k = |h_k|^2 P_n + \sigma_n^2, \forall k \in K$ , 所以式(3)改写为

$$\gamma_{\text{SIN}_{k,n}} = \frac{\beta_{k,n} P |h_{k,n}|^2}{\sum_{i=1, i \neq k}^L \beta_{i,n} P |h_{k,n}|^2 + Z_k}, \quad (4)$$

其中,定义  $H_{k,n} = |h_{k,n}|^2 / Z_k$  为等效信道增益(equivalent channel gain, ECG),所以式(4)可改写为

$$\gamma_{\text{SIN}_{k,n}} = \frac{\beta_{k,n} P H_{k,n}}{\sum_{i=1, i \neq k}^L \beta_{i,n} P H_{k,n} + 1}. \quad (5)$$

在 NOMA 系统中,在接收端通过 SIC 技术消除干扰,实现正确解码,以减少来自同一主用户子信道上其他次用户的干扰。假设认知基站完全掌握系统内每条链路的信道状态信息(channel state information, CSI), ECGs 呈递减序列,即

$$H_{1,n} \geq H_{2,n} \geq \dots \geq H_{k,n} \geq H_{k+1,n} \geq \dots \geq H_{L,n}, \quad (6)$$

$$\gamma_{\text{SIN}_{k,n}}^* = \frac{\beta_{k,n} P H_{k,n}}{1 + \sum_{i=1}^{k-1} \beta_{i,n} P H_{k,n}}, \quad (7)$$

那么主用户子信道  $n$  上次用户  $k$  的容量为

$$R_{k,n} = B_s \log_2 \left( 1 + \frac{\beta_{k,n} P H_{k,n}}{1 + \sum_{i=1}^{k-1} \beta_{i,n} P H_{k,n}} \right), \quad (8)$$

则  $L$  个次用户在主用户子信道  $n$  上的总容量为

$$R_n = B_s \sum_{k=1}^L \log_2(1 + \gamma_{\text{SIN}_{k,n}}^*), \quad (9)$$

系统的总容量为

$$R = \sum_{n=1}^N R_n. \quad (10)$$

## 1.2 问题描述

本文的研究目标是在保证最大发射功率、次用户服务质量的前提下,使得系统次用户吞吐量最大化,因此,系统优化建模如下:

$$\max \sum_{n=1}^N \sum_{k=1}^K \rho_{k,n} R_{k,n}$$

$$\begin{aligned}
\text{s.t. } c_1: & \sum_{n=1}^N \sum_{k=1}^L P_{k,n} \leq P_{\text{tot}}, \\
c_2: & \sum_{k=1}^L |h_n|^2 \beta_{k,n} P \leq I_n, \forall n, \\
c_3: & \sum_{k=1}^K \rho_{k,n} = L, \rho_{k,n} \in \{0, 1\}, \forall k, n, \\
c_4: & R_{k,n} \geq R_{\min}, \\
c_5: & \sum_{k=1}^L \beta_{k,n} = 1, 0 < \beta_{k,n} < 1,
\end{aligned} \tag{11}$$

其中,  $c_1$  表示认知基站最大发射功率约束;  $c_2$  表示主用户子信道  $n$  上  $k_n$  个次用户的总发射功率不超过主用户  $n$  的干扰功率阈值;  $h_n$  为认知基站到主用户  $n$  的信道增益;  $c_3$  表示每条子信道上叠加的次用户数, 若次用户  $k$  复用在主用户子信道  $n$  上, 则  $\rho_{k,n} = 1$ , 否则  $\rho_{k,n} = 0$ ;  $c_4$  表示用户最小传输速率, 保证用户服务质量;  $c_5$  表示对次用户功率比例因子的约束。

由于式(11)是一个复杂的非线性规划问题, 很难直接得到最优解, 因此将优化问题分解为次用户分组与功率分配 2 个子问题并一一求解。

## 2 联合用户匹配算法

在这一小节中, 对于次用户分组问题, 根据匹配算法理论<sup>[14]</sup>, 提出联合用户匹配算法。根据次用户在主用户子信道上的传输速率构建喜好列表, 并按照喜好的降序进行排序, 则次用户和主用户子信道的喜好列表分别为

$$\begin{aligned}
\mathbf{P}_{L_{SU}} &= [P_{L_{SU}}(1), \dots, P_{L_{SU}}(k), \dots, P_{L_{SU}}(K)]^T, \\
\mathbf{P}_{L_{SC}} &= [P_{L_{SC}}(1), \dots, P_{L_{SC}}(n), \dots, P_{L_{SC}}(N)]^T,
\end{aligned} \tag{12}$$

若  $SU_k$  在  $SC_i$  上的传输速率大于  $SC_j$  上的传输速率, 那么  $SU_k$  更倾向于匹配  $SC_j$ , 表示为

$$SC_i(k) > SC_j(k), \tag{13}$$

若  $SC_n$  在上次用户集合  $Q_l$  的传输速率比  $Q_m$  的传输速率大, 则  $SC_n$  倾向于匹配  $Q_l$ , 表示为

$$R_n(Q_l) > R_n(Q_m), \quad Q_l, Q_m \subset \{1, 2, \dots, K\}. \tag{14}$$

假设被匹配到子信道  $n$  的次用户集合表示为  $S_m(n)$ , 未匹配到子信道的次用户集合表示为  $S_{\text{um}}$ 。具体算法如下:

算法: 联合用户匹配算法

输入:  $\mathbf{P}_{L_{SU}}(k), \mathbf{P}_{L_{SC}}(n), R_{k,n}, \forall k \in \{1, 2, \dots, K\}, \forall n \in \{1, 2, \dots, N\}$ ;

输出:  $S_m(n)$ ;

1) 初始化  $S_m(n), S_{\text{um}}$ ;

2) while  $S_{\text{um}} \neq \emptyset$ ,

3) For  $k=1$  to  $K$  do;

4) 次用户  $k$  根据其喜好列表, 向顺序第一的子信道  $n$  发送请求;

5) if ( $|S_m(n)| < L$ ) then;

6)  $k \rightarrow S_m(n)$ , 从  $S_{\text{um}}$  删除次用户  $k$ , 更新  $S_{\text{um}}$ ;

7) end if;

8) if ( $|S_m(n)| = L$ ) then;

a) 次用户  $k$  作为候选用户;

b) 建立新用户集合  $S_{Q_l}(n) \subset \{S_m(n), k\}, |S_{Q_l}(n)| = L$ ,

c) 根据式(9)计算  $S_{Q_l}(n)$  的吞吐量,

d) 子信道  $n$  选择吞吐量最大的  $S_{Q_l}(n)$ ,

e)  $S_m(n) = S_{Q_l}(n)$ ,

i) if ( $k \in S_{Q_l}$ ) then,

ii)  $k \rightarrow S_m(n)$ , 从  $S_{\text{um}}$  删除次用户  $k$ , 被拒绝的用户返回  $S_{\text{um}}$ , 更新  $S_{\text{um}}$ ,

ii) else ( $k \notin S_{Q_l}$ ),  $k \rightarrow S_m(n)$ , 从  $PL_{SU}(k)$  删除子信道  $n$ ,

iii) end if,

9) end if;

10) end for;

11) end while。

### 3 功率分配算法

#### 3.1 细菌觅食优化算法

细菌觅食优化(bacterial foraging optimization, BFO)算法<sup>[15]</sup>是一种新型智能优化仿生算法,收敛速度快,不易陷入局部最优解,主要由趋向操作、复制操作和迁徙操作来实现寻优过程。

1) 趋向操作<sup>[15]</sup>是指细菌向有利于自身发展的区域移动,一次趋向操作包括旋转运动和游动运动。细菌通过不停地旋转和游动寻找最佳位置。初始化细菌位置,公式如下:

$$X = X_{\min} + \text{rand}(\quad) \times (X_{\max} - X_{\min}), \quad (15)$$

其中: $X_{\max}$ 与 $X_{\min}$ 分别为算法优化区间的最大值与最小值; $X$ 为初始化位置。

假设细菌种群数量为 $S$ ,每个细菌个体所在位置代表一个可行解,假设存在 $D$ 维向量,则细菌 $i$ 的位置为

$$\theta^i = [\theta_1^i, \theta_2^i, \dots, \theta_D^i], \quad i = 1, 2, \dots, S, \quad (16)$$

每进行一步趋向操作,细菌 $i$ 的位置可以表示为

$$\theta^i(j+1, k, l) = \theta^i(j, k, l) + C(i) \Phi(j) = \theta^i(j, k, l) + C(i) \frac{\Delta(i)}{\sqrt{\Delta^T(i) \Delta(i)}}, \quad (17)$$

其中, $j = 1, 2, \dots, N_c$ ,  $k = 1, 2, \dots, N_{re}$ ,  $l = 1, 2, \dots, N_{ed}$ ,  $\theta^i(j, k, l)$ 表示细菌 $i$ 在执行 $j$ 次趋向操作后的位置; $C(i)$  ( $C(i) > 0$ )表示细菌 $i$ 的游动步长; $\Phi(j)$ 表示旋转运动中随机单位方向向量; $\Delta(i)$ 表示旋转时方向调整后选定的随机方向向量,向量中的元素在区间 $[0, 1]$ ;  $N_c$ 、 $N_{re}$ 、 $N_{ed}$ 分别代表趋向操作、复制操作、迁徙操作的操作次数。

每进行一步趋向操作,细菌 $i$ 的适应度函数表示为

$$J(i, j+1, k, l) = J(i, j, k, l) + J_{cc}(\theta^i(j+1, k, l), P(j+1, k, l)), \quad (18)$$

其中 $J_{cc}(\theta^i(j+1, k, l), P(j+1, k, l))$ 分别表示细菌间吸引力和排斥力的综合影响。

2) 复制操作<sup>[15]</sup>模拟的是生物进化过程中适者生存的自然规律。进行趋向操作与聚集操作后,采用健康度函数来衡量细菌个体觅食能力的强弱,则细菌 $i$ 的健康度函数(也称能量函数)为

$$J_{\text{health}}^i = \sum_{j=1}^{N_c} J(i, j, k, l), \quad (19)$$

其中 $J_{\text{health}}^i$ 表示细菌 $i$ 的健康值。根据上式计算种群中各个细菌个体的健康值,并按照降序进行排序,将后移部分觅食能力弱(健康值低)的细菌舍弃,即淘汰的细菌个数为 $S_f = S/2$ ,保留剩余的 $S_f$ 个细菌并进行自我复制,提升种群觅食能力并维持生物多样性。

3) 迁徙操作<sup>[15]</sup>模拟的是当生存环境突发变化时,细菌群落死亡或者迁徙到其它有利环境的过程。该行为以固定概率 $P_{ed}$ 发生,即对细菌 $i$ 给定 $P_{ed}$ ,  $\text{rand}(\quad)$ 为 $[0, 1]$ 区间上均匀分布的随机数,若 $\text{rand}(\quad) < P_{ed}$ ,则细菌 $i$ 死亡,并在任意位置生成新个体,新旧个体可能位置不同,可能更靠近全局最优解。

#### 3.2 自适应细菌觅食优化策略的功率分配算法

对于式(11)中的约束条件 $c_4$ 进行变换得到

$$\beta_{k,n} \geq \frac{(2^{\frac{R_{\min}}{B_s}} - 1) (1 + \sum_{i=1}^{k-1} \beta_{i,n} PH_{k,n})}{PH_{k,n}}, \quad k \in \{1, 2, \dots, L\}, \quad (20)$$

上节利用联合用户匹配算法完成已完成次用户分组工作,因此可以将式(11)的优化问题重新表示为

$$\begin{aligned} \max \quad & \sum_{n=1}^N \sum_{k=1}^L R_{k,n}, \\ \text{s.t. } \quad & c_1: \frac{(2^{\frac{R_{\min}}{B_s}} - 1) (1 + \sum_{i=1}^{k-1} \beta_{i,n} PH_{k,n})}{PH_{k,n}} \leq \beta_{k,n} < 1. \\ & c_2: \sum_{k=1}^L \beta_{k,n} = 1. \end{aligned} \quad (21)$$

在CR-NOMA系统中,通过模拟细菌群体觅食过程来优化加速寻优进程,构造功率比例因子向量,并将其映射为细菌个体的位置向量,从而在一个多维解空间中快速找到最佳位置向量,即得到所有子信道内次用户的最优功率比例因子,从而使系统次用户总吞吐量最大化。

具体设置如下:构造功率比例因子向量 $\beta$ ,其中 $\beta=[\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_L]$ ,则令

$$\theta=[\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_L]=[\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_L], \quad (22)$$

其中一个细菌个体的位置向量 $\theta$ 为一个可行解,代表子信道 $n$ 上一种功率分配方案。使用目标函数作为该算法的适应度函数,表示如下:

$$G(\beta_{k,n})=\sum_{n=1}^N \sum_{k=1}^L B_s \log_2 \left( 1 + \frac{\beta_{k,n} P H_{k,n}}{1 + \sum_{i=1}^{k-1} \beta_{i,n} P H_{k,n}} \right). \quad (23)$$

### 3.2.1 趋向操作改进

在趋向操作过程中,特以改进在算法前期,步长设置为一个较大的值加快收敛速度;在算法后期,需要在一个较小的范围内确定最优解,步长宜设置为一个较小的值,从而提高寻优精确度,因此,将游动步长表示为

$$C(i)^*=\left(\frac{N_s}{j,k,l}\right)[N_c \cdot N_{re} \cdot N_{ed}-(l-1) \cdot N_{ed}-(k-1) \cdot N_{re}-(j-1) \cdot N_c], \quad (24)$$

其中: $j, k, l$ 分别表示当前已经执行的3种操作的执行次数; $N_s$ 为游动的最大步长。

为了使细菌始终保持最优方向移动,赋予细菌智能寻优功能,即如果在 $\theta^i(j+1, k, l)$ 处的适应度值大于 $\theta^i(j, k, l)$ 处,则保持 $\Phi(j)$ 不变继续进行旋转运动;否则产生新的旋转方向向量 $\Phi(j)^*$ ,进行下一次旋转运动,直至找到适应度值最大的位置。本文根据细菌个体的位置优劣(适应度值大小)、细菌群体全局最优位置信息以及当前个体最优位置信息,利用粒子群算法(particle swarm optimization, PSO)的优化策略将旋转方向表示为

$$\begin{cases} \Phi(j)^* = \frac{D(i)}{\sqrt{D^T(i)D(i)}}, \\ D(i) = \kappa D(i) + \varphi_1 r_1 (\theta^{pbest}(j, k, l) - \theta^i(j, k, l)) + \varphi_2 r_2 (\theta^{gbest}(j, k, l) - \theta^i(j, k, l)), \end{cases} \quad (25)$$

其中: $\kappa$ 为惯性权重系数,通常取0.4~0.95; $\varphi_1$ 和 $\varphi_2$ 表示加速算子; $r_1$ 和 $r_2$ 表示一个随机数,取值范围为 $[0, 1]$ ; $\theta^{pbest}(j, k, l)$ 表示当前个体最优位置; $\theta^{gbest}(j, k, l)$ 表示全局最优位置,即整个搜索范围内适应度值最大的细菌个体位置。

### 3.2.2 复制操作改进

在复制操作中,用细菌个体的当前位置来评价个体优劣,同时将差分进化算法<sup>[16]</sup>引入复制操作,根据差分变异、交叉、选择操作生成精英个体。趋向操作后,计算种群中所有细菌个体当前位置的适应度值,并按照其递减顺序对细菌个体进行排序,保留适应度值大的前 $S_r$ 个细菌并作为父代个体,即 $X_{i,g}=(x_{1,g}, x_{2,g}, \dots, x_{S/2,g})$ , $i=1, 2, \dots, S/2$ ,经过差分变异每一个父代个体分别产生一个变异个体 $V_{i,g}=(v_{1,g}, v_{2,g}, \dots, v_{S/2,g})$ , $i=1, 2, \dots, S/2$ ,用下式表示:

$$v_{i,g}=x_{r1,g}+F \cdot (x_{1,g}-x_{r2,g})+F \cdot (x_{r2,g}-x_{r3,g}), \quad (26)$$

其中, $r_1, r_2, r_3, i \in \{2, 3, \dots, S/2\}$ 且 $r_1 \neq r_2 \neq r_3 \neq i$ , $X_{i,g}$ 为第 $g$ 代种群中第 $i$ 个细菌, $x_{1,g}$ 为当前种群最优个体, $F=F_0 \cdot 2^\lambda$ 为缩放因子。

将父代个体 $X_{i,g}$ 与变异个体 $V_{i,g}$ 进行交叉操作得到交叉个体 $U_{i,g}=(u_{1,g}, u_{2,g}, \dots, u_{S/2,g})$ , $i=1, 2, \dots, S/2$ ,过程如下:

$$u_{i,g}=\begin{cases} v_{i,g}, & \text{rand}(0,1) \leq CR, \\ x_{i,g}, & \text{其他}, \end{cases} \quad (27)$$

其中CR为交叉概率。

采用贪婪选择策略,将父代个体 $X_{i,g}$ 与交叉个体 $U_{i,g}$ 的适应度值进行比较,适应度值高的作为下一代个体,复制操作完成。过程如下:

$$x_{i,g+1}=\begin{cases} u_{i,g}, & J(u_{i,g}) \leq J(x_{i,g}), \\ x_{i,g}, & \text{其他}. \end{cases} \quad (28)$$

## 3.2.3 迁徙操作改进

在迁徙操作中,首先将细菌个体按照当前位置的适应度值进行降序排列,前面部分细菌个体适应度较高,已经找到了全局最优解或已经接近全局最优解,因此不进行迁徙,避免精英个体“逃逸”。随着迭代次数增加,种群个体的适应度值不断更新,更接近全局最优位置,因此迁徙操作的选择范围应当减小。定义  $Q = 1 - (2^{\text{ged}} \cdot M)$  为迁徙操作选择范围,其中  $\text{ged} = \text{generation DIV } u$ ,  $u = 2 \times N_c \times N_{re}$ , DIV 为整除符号,  $M$  为不迁徙的细菌个体所占的初值<sup>[17]</sup>。假设隔  $N_c \times N_{re}$  代就进行一次迁徙,即  $\text{generation MOD}(N_c \times N_{re}) = 0$ ,其中 MOD 表示取余符号,隔  $u$  代缩小一次迁徙范围。

改进的迁徙操作仅从适应度值排在后面的  $S' = S \cdot Q$  个细菌个体中,采用自适应迁移概率  $P_{ed}$  执行迁徙操作,使适应度值低的细菌发生迁徙的概率增大,提高收敛速度。其中自适应迁移概率表示如下:

$$P_{ed}(i) = \frac{J_{\text{now}}^{\max} - J_{\text{now}}^i}{J_{\text{now}}^{\max} - J_{\text{now}}^{\min}} P_{ed}, \quad (29)$$

其中:  $J_{\text{now}}^{\max}$  表示群体中当前最大适应度值;  $J_{\text{now}}^{\min}$  表示当前最小适应度值;  $J_{\text{now}}^i$  表示细菌  $i$  的适应度值;  $P_{ed}$  表示迁徙的固定概率。

整合以上改进,具体算法如下。

算法:基于 ABFO 策略的功率分配算法

输入:  $L, S, N_c, N_{re}, N_{ed}, P_{ed}, N_s, C(i), i = 1, 2, \dots, S, m, J_{cc}^i(\theta, \theta^i(j, k, l)), \kappa, \varphi_1, \varphi_2, r_1, r_2, F, CR, M$

输出:  $\theta$

- 1) 初始化  $\theta^i(j, k, l) = [\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_L]$ ,  $j = k = l = 0$ ,  $m = 0$ ,  $\text{generation} = 0$ ,  $Q = 1$ ;
- 2) 初始化细菌位置,计算各个细菌个体的初始适应度值;
- 3) For  $l = 1$  to  $N_{ed}$  do;
- 4) For  $k = 1$  to  $N_{re}$  do;
- 5) For  $j = 1$  to  $N_c$  do;
- 6) For  $i = 1$  to  $S$  do;
- 7) 计算  $J(i, j, k, l)$  并保存;
- 8) 执行式(25)—(26)使细菌  $i$  移动;
- 9) 计算当前位置适应度值  $J(i, j+1, k, l)$  并保存;
- 10) While  $m < N_s$ ;
- 11)  $J(i, j+1, k, l) > J(i, j, k, l)$ ;
- 12) 更新  $\theta^i(j+1, k, l)$ ;
- 13)  $J(i, j, k, l) = J(i, j+1, k, l)$ ;
- 14)  $m = m + 1$ ;
- 15) Else  $m = N_s$ ,不再沿原方向游动;
- 16) End while;
- 17) If  $i = i + 1$  且  $i < S$ ,跳转至 7);
- 18) Else  $i = 0$ ,  $\text{generation} = \text{generation} + 1$ ;
- 19) End if;
- 20) End for;
- 21) End for;
- 22) 计算每个细菌当前位置的适应度值,按降序排序;
- 23) 保留前  $S_r$  个高值细菌,并对这半数细菌按照式(27)—(29)进行差分进化,替换淘汰的后  $S_r$  个低值细菌;
- 24) End for;
- 25) If  $\text{generation MOD}(N_c \times N_{re}) = 0$ ;
- 26) 根据  $Q = 1 - (2^{\text{ged}} \cdot M)$  计算当前迁徙范围,若  $Q < 20\%$ ,则令  $Q = 20\%$ ,若  $Q < 0$ ,令  $Q = 0$ ;
- 27) 计算每个细菌当前位置的适应度值,按降序排序;
- 28) 令  $S' = S \cdot Q$ ,适应度值排在后面  $S'$  个细菌个体按照式(30)进行迁徙操作;
- 29) Else  $\text{generation MOD}(N_c \times N_{re}) \neq 0$ ,跳转至 31);
- 30) End if;
- 31) If 达到最大迭代次数,跳转至 33);
- 32) Else 跳转至 5);
- 33) End for

## 4 仿真与性能分析

HPPA 算法巧妙地将次用户划分为不同的层级,考虑了用户的优先级并分配不同的功率,有助于显著提高 CR-NOMA 系统性能,能够更有效地满足用户的需求。而 CR-OMA 算法基于正交多址接入的原理,不涉及非正交多址接入的复杂性,具有简单性和通用性的优点。因此为了验证本文所提算法的优越性,与文献[18]所提的 HPPA 算法和经典的 CR-OMA 算法进行对比。其中,基站与用户之间的信道服从瑞利分布,仿真主要参数设置如表 1 所示。

图 2 给出了次用户总吞吐量和次用户数量的关系。从图 2 中可以看出,当次用户数量增加时,次用户的总吞吐量增加,随着次用户数量的进一步增加,次用户总吞吐量的增长速率逐渐减小并趋于稳定。随机配对算法在配对过程中,并没有考虑次用户的信道状态信息,不能保证最优的系统性能,具有不稳定性。而次优用户分组算法没有考虑次用户之间的公平性,只考虑了信道增益对次用户分组的影响。本文所提算法既考虑了次用户的信道增益,又考虑了次用户间的公平性,因此当次用户数量相同时,本文所提算法均优于次优用户分组算法和随机配对算法,相比于其他 2 个算法分别提升了 1.4% 和 11.8%。

图 3 给出了次用户的公平指数与认知基站功率的变化关系。引入 Jain 公平指数对系统进行公平性评估,其表达式如下:  $F_J = [(\sum_{k=1}^K R_k)^2] / [K \sum_{k=1}^K (R_k)^2]$ , 其中,  $R_k$  表示次用户  $k$  的吞吐量,  $F_J$  的取值范围是  $[0, 1]$ , Jain 公平指数越大,次用户间的公平性越好,当  $F_J = 1$  时,系统达到绝对公平。从图 3 中可以看出,随着认知基站功率增加,3 种算法的 Jain 公平指数逐渐减小,与 HPPA 算法和 CR-OMA 算法相比,本文算法 Jain 公平指数更大,表明本文用户选择算法具有更好的公平性。

表 1 仿真参数设置

Table 1 Simulation parameter settings	
仿真参数	数值
小区半径/m	500
系统带宽/MHz	5
噪声功率谱密度/(dBm·Hz <sup>-1</sup> )	-174
路径损耗系数	2
电路消耗功率/W	1
次用户与认知基站最小距离/m	40
次用户间最小距离/m	30
次用户数量	10~60
主用户发送功率/dBm	30
主用户数量	10

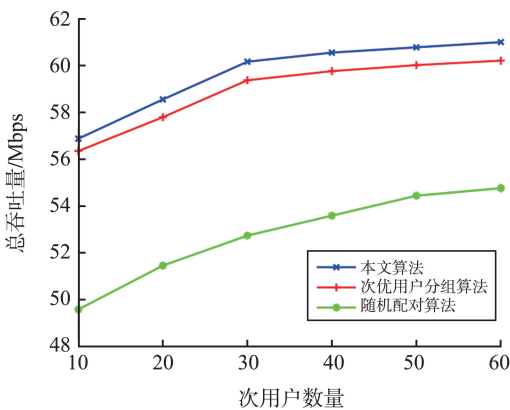


图 2 次用户总吞吐量与次用户数量的关系  
Fig.2 Relationship between total secondary user throughput and number of secondary users

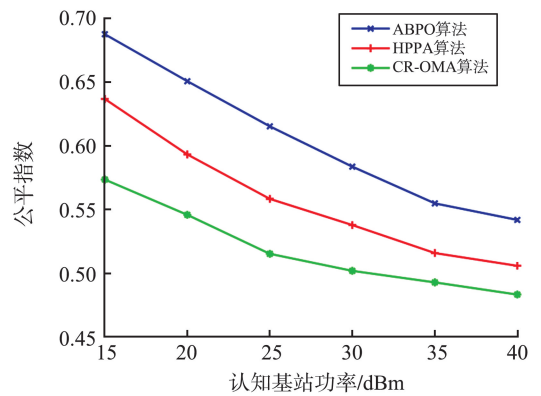


图 3 次用户的公平指数与认知基站功率的关系  
Fig.3 Relationship between fairness index of secondary users and power of cognitive base station

图 4 描述了在不同功率分配算法下,平均系统能效与次用户数量的关系。本文定义系统能效  $E = \sum_{n=1}^N R_n / (P_t + P_c)$ , 其中,所有次用户的实际发射功率之和  $P_t = \sum_{n=1}^N \sum_{k=1}^{k_n} P_{k,n}$ ,  $P_c$  为系统电路消耗总功率。从图中可以观察到,次用户数量增加时,平均系统能效也逐渐提高,最后收敛到一个最大值。随着次用户数量持续增加,主用户子信道上选择的次用户数达到最大,总吞吐量趋于稳定,因此系统的平均系统能效达到收敛。本文所提算法的平均系统能效均优于 HPPA 算法和 CR-OMA 算法,可以更好地提升系统性能。

图5对比了在次用户数量  $k=30$  和  $k=60$  情况下,不同功率分配算法下次用户总吞吐量与认知基站功率的关系。从图中可以看出,认知基站功率增大,次用户的总吞吐量也随之增大。 $k=30$  时,相比其他2种算法,分别提高了2.9%和15.7%; $k=60$  时,分别提高了2.04%和20.7%。这是因为本文算法考虑了信道增益对次用户的影响,在保证次用户间公平性的前提下,为每一个被选择在子信道上的次用户计算了功率比例因子,从而保证了次用户的总吞吐量达到最大值。

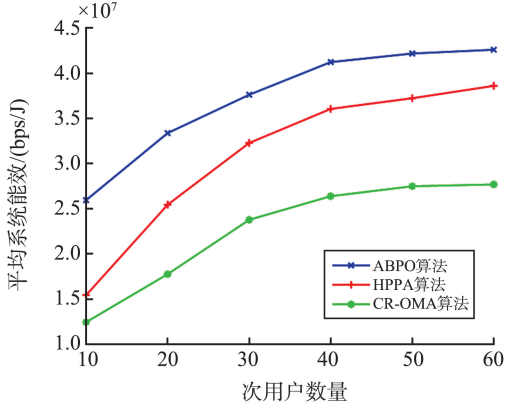


图4 平均系统能效与次用户数量的关系

Fig.4 Relationship between average system energy efficiency and number of secondary users

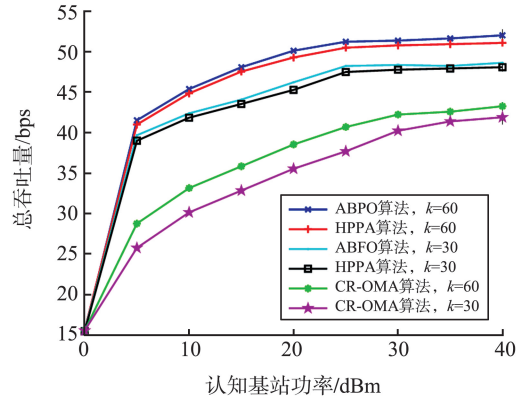


图5 次用户总吞吐量与认知基站功率的关系

Fig.5 Relationship between total secondary user throughput and cognitive base station power

## 5 结论

本文研究了CR-NOMA系统中最大化吞吐量的功率分配策略。首先将主用户子信道与次用户进行动态匹配;然后提出一种基于ABFO策略的功率分配算法,构造功率比例因子向量,将其看作一个细菌个体的位置向量,在趋向操作中改进游动步长、旋转方向进行平衡搜索;复制操作中利用差分进化算法,对前半数优质细菌进行差分变异、交叉、选择操作,替换后半数劣质细菌,维持生物多样性;迁徙操作中定义迁徙范围,采用自适应迁徙概率提高寻优能力,模拟细菌群体觅食过程来优化加速寻找最佳位置向量,得到功率比例因子最优解。通过仿真证明,与HPPA算法和CR-OMA算法相比,该功率分配策略能够有效加快收敛速度,提升系统次用户总吞吐量。

### 参考文献:

- [1] CHEN Hangtong. Research on 5G key technologies and challenges[J]. Journal of Physics: Conference Series, 2021(1):16-18.
- [2] YUAN Yazhou, LI Zhijie, LIU Zhixin, et al. Double deep  $q$  network based distributed resource matching algorithm for D2D communication[J]. IEEE Transactions on Vehicular Technology, 2022, 71(1):984-993.
- [3] LEANH T, TRAN N H, SAAD W, et al. Matching theory for distributed user association and resource allocation in cognitive femtocell network[J]. IEEE Transactions on Vehicular Technology, 2017, 66(9):8413-8428.
- [4] FANG Fang, CHENG Julian, DING Zhiguo, et al. Energy efficient resource optimization for a downlink NOMA heterogeneous small-cell network[J]. IEEE Transactions on Communications, 2020, 68(6):3766-3781.
- [5] LÜ Lu, YANG Long, JIANG Hai, et al. When NOMA meets multiuser cognitive radio: opportunistic cooperation and user scheduling[J]. IEEE Transactions on Vehicular Technology, 2018, 67(7):6679-6684.
- [6] LIU Yuanwei, DING Zhiguo, YUAN Jinhong, et al. Nonorthogonal multiple access in large scale underlay cognitive radio networks[J]. IEEE Transactions on Vehicular Technology, 2016, 65(12):10152-10157.
- [7] XU Lei, XING Hong, DENG Yansha, et al. Fairness-aware throughput maximization for underlying cognitive NOMA networks[J]. IEEE Systems Journal, 2021, 15(2):1881-1892.
- [8] LI Suoping, LIANG Wenwu, YANG Nana, et al. Two-stage adaptive relay selection and power allocation strategy for cooperative CR-NOMA networks in underlay spectrum sharing[J]. Applied Sciences, 2021, 11(21):10433.
- [9] ZENG M, TSIROPOULOS G I, YADAV A, et al. A two-phase power allocation scheme for CRNs employing NOMA[C]// 2017 IEEE Global Communications Conference. New York: ACM, 2017:1-6.
- [10] 时安谊, 杨震. 针对NOMA和CR网络的功率分配方法[J]. 信号处理, 2019, 35(7):1224-1234.

- SHI Anyi, YANG Zhen. Power allocation method for NOMA and CR networks[J]. Journal of Signal Processing, 2019, 35(7):1224-1234.
- [11] 苗丰满, 张海军, 张永刚, 等. 采用无线携能技术的中继辅助 CR-NOMA 系统能效分析[J]. 国防科技大学学报, 2022, 44(4):198-203.
- MIAO Fengman, ZHANG Haijun, ZHANG Yonggang, et al. Energy efficiency analysis of relay-assisted CR-NOMA system using wireless energy carrying technology[J]. Journal of National University of Defence Technology, 2022, 44(4):198-203.
- [12] MAO Sun, LENG Supeng, HU Jie, et al. Power minimization resource allocation for underlay MISO-NOMA SWIPT systems [J]. IEEE Access, 2019, 7:17247-17255.
- [13] HU Changjie, LI Quanzhong, YANG Liang, et al. Joint power allocation and collaborative beamforming for physical layer security in underlay CR NOMA relay systems[J]. Physical Communication, 2021, 48:101442.
- [14] SIAVASH B, RAYMOND H Y L, ZHU H, et al. Distributed user association and femtocell allocation in heterogeneous wireless networks[J]. IEEE Trans Communications, 2014, 62(8):3027-3043.
- [15] PASSINO K M. Biomimicry of bacterial foraging for distributed optimization and control[J]. IEEE Control Systems Magazine, 2002, 22(3):52-67.
- [16] HOU Ying, WU Yilin, HAN Honggui. Multistate-constrained multi-objective differential evolution algorithm with variable neighborhood strategy[J]. IEEE Transactions on Cybernetics, 2023, 53(7):4459-4472.
- [17] 李珺, 党建武, 卜锋. 细菌觅食优化算法的研究与改进[J]. 计算机仿真, 2013, 30(4):344-347.
- LI Jun, DANG Jianwu, BU Feng. Research and improvement of bacterial foraging optimization algorithm[J]. Computer Simulation, 2013, 30(4):344-347.
- [18] AI-ABBASI Z Q, SO D K C. User-pairing based non-orthogonal multiple access(NOMA) system[C]//2016 IEEE the 83rd Vehicular Technology Conference(VTC Spring), Piscataway: IEEE, 2016:1-5.

(编辑:胡春燕)

(上接第 55 页)

- [18] LÜ Yi, LIU Mandan, XIANG Yue. Fast searching density peak clustering algorithm based on shared nearest neighbor and adaptive clustering center[J]. Symmetry, 2020, 12(12):2014.
- [19] LIU Yaohui, MA Zhengming, YU Fang. Adaptive density peak clustering based on  $K$ -nearest neighbors with aggregating strategy[J]. Knowledge-based Systems, 2017, 133:208-220.
- [20] HOU Jian, ZHANG Aihua, QI Naiming. Density peak clustering based on relative density relationship[J]. Pattern Recognition, 2020, 108:107554.
- [21] WANG Yizhang, WANG Di, ZHANG Xiaofeng, et al. McDPC: multi-center density peak clustering[J]. Neural Computing and Applications, 2020, 32(17):13465-13478.
- [22] ABDOLLAHZADEH B, GHAREHCHOPOGH F S, MIRJALILI S. African vultures optimization algorithm: a new nature-inspired metaheuristic algorithm for global optimization problems[J]. Computers & Industrial Engineering, 2021, 158:107408.
- [23] YANG Xinshe. Nature-inspired metaheuristic algorithms[M]. Beckington: Luniver Press, 2010.
- [24] DUA D, KARRA TANISKIDOU E. UCI machine learning repository[EB/OL]. (2023-11-13)[2023-11-13].<http://archive.ics.uci.edu/ml>.
- [25] CHANG Hong, YEUNG D Y. Robust path-based spectral clustering[J]. Pattern Recognition, 2008, 41(1):191-203.
- [26] GIONIS A, MANNILA H, TSAPARAS P. Clustering aggregation[J]. ACM Transactions on Knowledge Discovery From Data(TKDD), 2007, 1(1):4.
- [27] SUO Mingliang, ZHU Baolong, ZHOU Ding, et al. Neighborhood grid clustering and its application in fault diagnosis of satellite power system[J]. Proceedings of the Institution of Mechanical Engineers, Part G: Journal of Aerospace Engineering, 2019, 233(4):1270-1283.
- [28] JAIN A K, LAW M H C. Data clustering: a user's dilemma[C]//International Conference on Pattern Recognition and Machine Intelligence. Berlin: Springer, 2005:1-10.
- [29] VEENMAN C J, REINDERS M J T, BACKER E. A maximum variance cluster algorithm[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2002, 24(9):1273-1280.
- [30] FU L, MEDICO E. FLAME: a novel fuzzy clustering method for the analysis of DNA microarray data[J]. BMC Bioinformatics, 2007, 8(1):1-15.

(编辑:胡春燕)