

无线传感器网络移动节点的定位算法

宋琛, 罗娟

(湖南大学计算机与通信学院, 长沙 410082)

摘要: 针对无线传感器网络中节点移动性问题提出一种遗传蒙特卡罗定位算法。将进化理论中的交叉操作与变异操作引入到蒙特卡罗定位算法中, 对采样进行优化, 使采样向后验密度分布取值较大的区域移动, 从而更好地表达后验密度分布。仿真结果表明, 该算法可以明显减少所需的采样数, 具有更高的定位精度和鲁棒性。

关键词: 无线传感器网络; 移动节点; 定位; 蒙特卡罗

Localization Algorithm for Mobile Node in Wireless Sensor Network

SONG Chen, LUO Juan

(School of Computer and Communication, Hunan University, Changsha 410082)

【Abstract】 In view of the localization in mobile wireless sensor network, a new localization method named genetic Monte Carlo localization is proposed. The crossover and mutation operations in evolutionary theory are introduced into Monte Carlo localization algorithm to make samples move towards regions with large value of posterior density distribution, so the sample set of localization algorithm can represent the desired posterior density distribution better. Simulation results show the algorithm needs fewer samples and is more precise and robust.

【Key words】 wireless sensor network; mobile node; localization; Monte Carlo

1 概述

无线传感器网络的节点定位是无线传感器网络应用中需要解决的一个关键问题。对于大多数应用, 不知道节点位置而感知的数据是没有意义的。节点必须明确自身位置才能详细说明“在什么位置或区域发生了特定事件”, 实现对外部目标的定位和追踪。另一方面, 了解节点位置信息还可以提高路由效率, 为网络提供命名空间, 向部署者报告网络的覆盖质量, 实现网络的负载均衡以及网络拓扑的自配置^[1]。

目前大多数无线传感器网络定位方案属静止节点定位算法, 即节点都处于静止状态。虽然节点的移动性使定位过程复杂化, 但是利用节点的移动性可提高定位精度, 减少定位代价。在Bergamo等的研究中, 网络中有 2 个固定的锚节点向全网传送坐标信息, 其余处于运动状态的节点根据接收到的信号强度进行自身定位^[2]。文献[3]借鉴了移动机器人领域中的算法思想, 提出了蒙特卡罗定位算法, 该算法的主要原理是用加权样本集的形式来表示节点可能移动位置的分布规律。文献[4]对蒙特卡罗定位算法进行了改进, 解决了算法采样效率低的问题。该算法把采样区域限制在一个样本盒内, 提高了采样效率, 改善了定位效率和定位精度。文献[5]提出了一种基于测距的蒙特卡罗定位算法, 把测距信息引入到蒙特卡罗定位算法中, 提高了定位精度, 但节点需要配置测距硬件。

本文在研究蒙特卡罗定位算法的基础上, 根据进化理论中的交叉操作与变异操作, 提出了一种遗传蒙特卡罗定位算法。该算法减少了采样数, 提高了定位精度和鲁棒性。

2 蒙特卡罗定位算法

蒙特卡罗定位算法的核心思想是把移动节点可能出现的

位置以加权样本集的形式表示为后验分布, 其定位过程分为预测、滤波、重采样、重要性采样和输出 5 个阶段。

在预测阶段, 假设待定位节点不知道它的运动速度和运动方向, 但是知道其运动速度不超过某个最大值 v_{max} , 所以, 如果 l_{t-1} 是待定位节点在上某一时刻的某个可能位置, 那么该节点在当前时刻的可能位置就约束在以 l_{t-1} 为圆心、 v_{max} 为半径的一个圆内。

在滤波阶段, 待定位节点根据当前时刻接收到的观测值丢弃那些不可能存在的预测位置。具体来说, 在时刻 t , 每个处于锚节点通信半径内的预测位置都能够侦听到来自该锚节点的广播, 如果某个预测位置侦听不到广播, 则表明该位置是不可能出现的, 应该丢掉。图 1 分别显示了 1 跳和 2 跳假设下的滤波条件, 这里 2 跳是指待定位节点本身不能侦听到某个锚节点, 但是它的一个邻居节点可以听到此锚节点。S 代表待定位节点能侦听到的所有锚节点的集合, T 代表待定位节点无法直接听到但可以通过其邻居节点听到的所有锚节点的集合, 则滤波条件为

$$filter(t) = \forall s \in S, d(l, s) \leq r \wedge \forall s \in T, r < d(l, s) \leq 2r$$

在滤波完成后, 剩余的样本有可能很少, 需要使用重采样来补充样本。因为通常无法从后验分布中直接取样, 所以需要进行重要性采样。本文重要性函数取为均匀分布, 即每

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60673061); 湖南省自然科学基金资助项目(06JJ50111, 06JJ50113); 高等学校博士学科点专项科研基金资助项目(20060532024)

作者简介: 宋琛(1983-), 男, 硕士研究生, 主研方向: 无线传感器网络; 罗娟, 副教授

收稿日期: 2007-11-30 **E-mail:** songchen888888@163.com

个样本的权值为 $1/n$ ，其中， n 为样本数。最后用加权样本和作为待定位节点的位置估计。

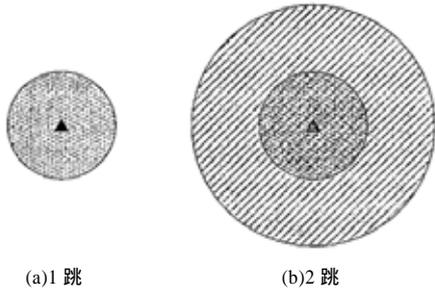


图1 1跳和2跳的滤波条件

3 遗传蒙特卡罗定位算法

蒙特卡罗定位算法与遗传算法有相似之处：它们都有 1 个样本集，每个样本都代表 1 个可能解；这些样本都根据一定的规则进行状态转移；它们都对适应度较高的样本进行复制，其中，蒙特卡罗定位算法中的重采样阶段可以看作是样本的复制过程。它们的主要区别在于状态转移的方式不同：遗传算法通过模拟生物遗传进化中交叉与变异的思想实现样本的进化；而蒙特卡罗定位算法中的样本根据运动模型进行状态转移。本文将进化理论中的交叉操作与变异操作^[6]引入到蒙特卡罗定位算法中，对采样进行优化，使采样向后验密度取值较大的方向移动，以克服蒙特卡罗定位算法中存在的问题。

整个算法描述如下：

在状态空间中考虑节点定位问题。令 t 代表时间， l_t 代表节点在 t 时刻的后验分布， l_t 的分布由样本集表示， n 代表样本数， w_t 代表样本的权值。预测阶段、滤波阶段、重采样阶段和重要性采样阶段采用蒙特卡罗定位算法实现。然后进入进化阶段，包括交叉和变异 2 个操作。

(1) 交叉操作

对于从样本集中随机选取的 2 个样本 $(l_t^a, w_t^a), (l_t^b, w_t^b)$ ，按下式进行计算：

$$l_t^A = \xi l_t^a + (1 - \xi) l_t^b$$

$$l_t^B = \xi l_t^b + (1 - \xi) l_t^a$$

$$w_t^A = p(o_t | l_t^A)$$

$$w_t^B = p(o_t | l_t^B)$$

其中， $\xi \sim U(0,1)$ ， $U(0,1)$ 为均匀分布。然后从 4 个样本中选取权值较大的 2 个样本代替原来的样本 $(l_t^a, w_t^a), (l_t^b, w_t^b)$ 。

(2) 变异操作

对于从交叉操作之后的样本集中随机选取的 1 个样本 (l_t^a, w_t^a) ，如果 w_t^a 小于域值 σ ，则从状态空间随机抽取 1 个样本作为 (l_t^a, w_t^a) ，按下式进行计算：

$$l_t^A = l_t^a + \tau$$

$$w_t^A = p(o_t | l_t^A)$$

其中， $\tau \sim N(0,1)$ 。然后从 2 个样本中选取权值较大的 1 个样本代替原来的样本 (l_t^a, w_t^a) 。

经过交叉和变异 2 个操作，得到进化后的样本及每个样本 l_t^i 对应的权值 w_t^i 。然后，计算出进化后的每个样本 l_t^i 的归一化权值为

$$w_i = \frac{w_t^i}{\sum_{i=1}^n w_t^i}, i=1, 2, \dots, n$$

其中， w_t^i 代表每个样本 l_t^i 的权值。

最后，输出待定位节点的位置估计为

$$(x, y) = \left(\sum_{i=1}^n w_i x_i, \sum_{i=1}^n w_i y_i \right)$$

其中， (x_i, y_i) 代表每个样本 l_t^i 的坐标， w_i 代表每个样本 l_t^i 的归一化权值。

下一时刻，返回预测阶段。

4 仿真与评估

为检验算法的性能，本文使用仿真工具 OMNET++ 进行实验。仿真条件设置为节点随机分布在 $500 \text{ m} \times 500 \text{ m}$ 的正方形区域内，锚节点和待定位节点的通信距离都为 50 m，锚节点和待定位节点运动速度的最大值为 50 m/s，一跳通信范围内的平均锚节点数为 1，一跳通信范围内的平均节点数为 10。

采用不同采样数的遗传蒙特卡罗定位算法和蒙特卡罗定位算法进行定位的平均误差和计算开销分别如图 2 和图 3 所示。可以看出，遗传蒙特卡罗定位算法使用较少的采样数就能获得较高的定位精度，利用 200 个采样就能达到利用蒙特卡罗定位算法需要 1 000 个采样才能达到的定位精度，而计算开销约为利用 1 000 个采样的蒙特卡罗定位算法的 2/5。

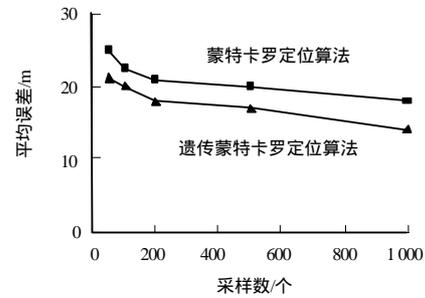


图2 采用不同采样数进行定位的平均误差

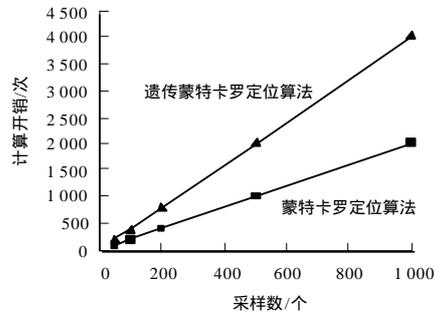


图3 采用不同采样数进行定位的计算开销

在遗传蒙特卡罗定位算法中，通过引入进化理论中的交叉和变异 2 个操作，使采样趋于多样化；同时对采样进行了优化，使采样向观测密度取值较大的区域移动，因此，算法产生的样本能更好地表示后验密度，减少所需的采样数和所需的存储空间，提高定位精度和鲁棒性。虽然在引入交叉和变异 2 个操作之后，算法的采样所需的计算量有所增加，但是由于采样数的减少，其总的计算量反而会减少。

5 结束语

针对无线传感器网络中节点移动性的问题，本文提出了一种遗传蒙特卡罗定位算法。算法中的交叉操作和变异操作使采样向后验密度分布取值较大的区域移动，样本集能更好地表达后验密度分布。该算法具有更高的定位精度和更好的鲁棒性。

(下转第 111 页)