

生物基因技术在多功能雷达信号解析中的应用

马 爽, 柳 征, 姜文利

(国防科技大学电子科学与工程学院, 湖南长沙 410073)

摘 要: 多功能雷达作为一个大规模动态系统, 具有复杂的信号形式. 对其信号进行解析, 揭示系统内部的运行规律, 是当今电子侦察领域面临的严重挑战. 本文借鉴生物基因工程的思想, 提出了多功能雷达信号解析的研究框架和研究手段. 详细分析了多功能雷达的工作机制, 从系统的角度, 将其与生物体的细胞做类比, 指出两者在系统结构和运行机制上的高度相似性. 对生物基因工程中的逆向工程等关键技术进行了总结, 在此基础上, 讨论了其在多功能雷达信号解析领域的应用前景. 前期的研究成果表明了本文方法的合理性.

关键词: 多功能雷达; 基因工程; 辐射源识别; 电子战

中图分类号: TN957.51 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2013) 12-2374-08

电子学报 URL: <http://www.ejournal.org.cn>

DOI: 10.3969/j.issn.0372-2112.2013.12.009

The Application of Gene Techniques to Multifunction Radar Signal Analysis

MA Shuang, LIU Zheng, JIANG Wen-li

(College of Electronic Science and Engineering, National University of Defense Technology, Changsha, Hunan 410073, China)

Abstract: Multifunction radar (MFR) is a large scale dynamical system which exhibits complex signal forms. The problems in deciphering the signals and inferring the MFR's policy of operation really challenge the electronic intelligence (ELINT) society. By drawing lessons from the ideas of gene engineering, the research framework and study methods for MFR signal analysis are proposed. From the viewpoint of system, an analogy is made between the MFR and the organism's cell, which suggests their high level parallelism in system architecture and policy of operation. The key techniques in gene engineering, especially reverse engineering, which can be applied for MFR signal analysis, are summarized, and pre-well-prepared work demonstrates that the proposed method is reasonable.

Key words: multifunction radar; gene engineering; emitter recognition; electronic warfare

1 引言

多功能雷达能够并行执行多种功能, 使得单纯的型号识别无法判断出它的工作状态和威胁程度等重要的信息. 对多功能雷达信号进行解析, 分析其组成、结构和变化规律, 建立有效的模型, 进而利用截获信号对其工作状态和威胁程度等进行推断, 是当今电子侦察领域面临的严重挑战^[1,2].

当前, 多功能雷达信号的建模和识别方法主要分为两类: 改进的参数化方法和模型化方法. 传统的参数化方法用确定的类型、参数和少数工作模式来建模雷达信号, 并基于统计模式识别理论对其信号进行分析和处理^[3]. 该方法适合描述常规雷达, 但是却无法适应多功能雷达信号参数随机变化、快速切换的特点. 文献[4,5]对传统的参数化方法进行了改进, 分别提出了联合参数

建模和脉冲样本图的方法. 这两种方法通过建立脉冲序列的时域模板, 提高了对复杂信号的描述能力; 文献[6]用一种“多模式模型”来分析多功能雷达信号, 按照不同的脉冲重复间隔 (PRI) 类型, 将信号表示成在多种模式之间随机变化的形式. 然而实际上, 多功能雷达信号在每个波束驻留之间快速变化, 几乎难以发现明显的模式. 改进的参数化方法虽然能够更加细致地描述信号, 但在揭示信号产生和变化的规律上仍然显得无能为力, 因此, 当前的研究主要集中在模型化方法上. 文献[1]尝试用隐马尔可夫模型 (HMM) 对多功能雷达的脉冲列直接建模. 但是, HMM 的状态并不直接对应多功能雷达的各种功能, 而且, 多功能雷达信号具有更精细的结构, 单纯的脉冲层次的模型不能反映出这种结构关系. 文献[3,7,8]采用句法模型, 将信号解构为雷达字、雷达短语和雷达子句三个层次, 用上下文无关语法规则来建模

信号内在的控制规律.这种将信号分层表示和以模型为中心的方法更加深刻地反映了多功能雷达系统的工作规律,在研究方法上向前迈了一大步,但是该方法需要完全已知多功能雷达的先验知识,而且研究对象是雷达对单一目标的跟踪过程,并没有涉及多种功能并行执行的情况.

多功能雷达是一个大规模动态系统,其信号的产生和变化规律由多种软件模块共同控制,信号解析很大程度上就是要揭示隐藏在这些软件代码中的控制规律^[9],是一个复杂的逆向工程问题.这意味着我们需要用一整套研究方法和处理工具来分析多功能雷达信号,而不是试图求诸于一个简单的模型.通过研究发现,同样的问题在生命科学领域受到了广泛而深入的研究.随着人类基因组计划(HGP)的实现,获得了海量的生物序列数据,后基因组时代^[10]的首要任务就是要找出隐藏在 DNA 代码中的调控生命活动的规律.本文中,我们首次将多功能雷达系统和生物体的细胞联系起来,通过类比发现,两者在系统结构和运行机制上存在着高度的相似性.目前,生命科学方兴未艾,已经建立了一系列行之有效的研究方法和研究手段,借鉴这些方法和手段来研究多功能雷达信号解析问题,不失为一种有益的尝试.

本文首先阐述了多功能雷达本身的工作机制,分析了决定其信号结构和变化规律的因素,提出了信号解析需要解决的关键问题;其次,建立了多功能雷达信号的层级模型;最后,通过类比基因工程中的研究方法,提出了多功能雷达信号解析的处理框架、研究手段和数学工具.

2 多功能雷达信号产生机制

多功能雷达结合了相控阵天线的波束控制能力和计算机强大的管理和数据处理能力,实现了多种功能的并行执行.下面从系统的软/硬件结构和信号产生机制^[11~13]两方面来讨论多功能雷达信号的特点.

2.1 多功能雷达系统的软/硬件结构

多功能雷达系统典型的结构如图 1 所示.

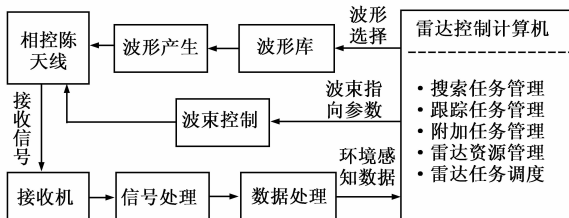


图1 多功能雷达系统的软/硬件结构

雷达控制计算机控制着整个系统的运行.它接收外部环境感知数据,对其进行评估,根据评估的结果,

由任务管理软件生成各种任务,内容包括波形选择参数、波束指向参数和任务执行时间等.这些任务可能竞争同样的时间、能量和计算等资源,雷达资源管理和任务调度软件按照一定的算法将其组织成最终的执行任务序列.

系统中除雷达控制计算机以外的部分负责单一任务的执行.波形库是一个内置的存储器,其中保存着所有基本波形.选定的波形经过波形产生器形成激励信号,通过相控阵天线在指定的方向上发射出去.回波信号经过接收机、信号处理器、数据处理器后,生成环境感知数据,送到雷达控制计算机中处理.整个系统形成一个“感知/处理/响应”的闭环结构.

2.2 多功能雷达信号的层级结构

多功能雷达信号具有“功能/任务/脉冲”的层级结构.各种功能被分解成一系列任务,每个任务通过波形库映射成脉冲级的信号,如图 2 所示.下面以同时执行搜索和多目标跟踪功能为例来说明信号的产生机制.

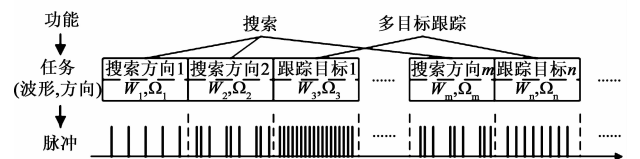


图2 多功能雷达信号的层级结构

(1) 功能级向任务级的转化

搜索和跟踪功能首先通过对应的任务管理软件来产生各自的任务序列,然后,雷达任务调度软件将其组织最终的执行任务序列,如图 3 所示.

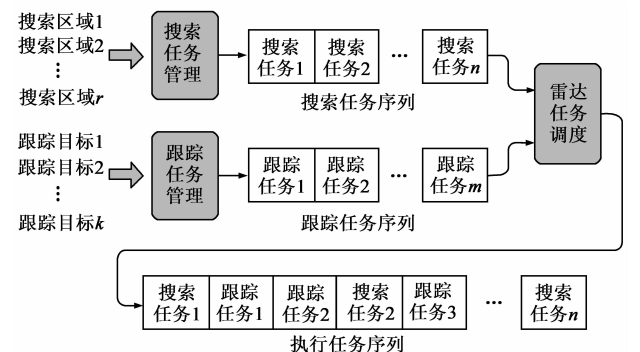


图3 多功能雷达任务序列的产生机制

搜索任务管理软件负责搜索任务序列的产生.搜索空域一般是确定的,搜索策略^[14]按照一定的规则搜索各个波位,将每个任务对应的参数事先安排在一个控制表中.执行搜索功能时,按照控制表循环地依次产生各个搜索任务.

跟踪任务管理根据目标状态、时间紧迫性等信息实时地产生跟踪任务序列.跟踪单一目标时,根据目标状态,动态地执行目标确认、初始化、距离和速度解析

等任务;同时跟踪多个目标时,对每个目标都可以采用不同的数据率和不同的精度.

雷达任务调度协调搜索和跟踪任务序列,形成最终的执行任务序列,本质上属于单处理器多任务的实时调度问题.在实际中,调度方法虽然各不相同,但都是在时间、能量、计算等资源的约束下,以一定的优先级交替地安排各种任务.

(2)任务级向脉冲级的转化

信号从任务级到脉冲级的转化通过波形库^[15]中基本波形的映射来实现.基本波形定义为有限个脉冲的优化排列,用于从环境中提取特定的信息.所有基本波形作为构成多功能雷达信号的基本单元,存储在波形库中.

基本波形作为构成脉冲级信号的基本模块,按照执行任务序列的顺序,前后衔接,构成了雷达最终发射的脉冲列信号.

2.3 多功能雷达信号解析需要解决的关键问题

电子情报领域对多功能雷达信号的处理可以看成信号形成过程的逆过程,即对信号进行解析,分析其组成和结构,发现信号背后隐藏的任务级和功能级的规律.信号解析需要解决以下三个方面的关键问题:

(1)基本波形集合的确定

基本波形是多功能雷达信号的基本组成模块,是信号的最小“粒度”.确定基本波形集合之后,首先,信号可以用这些基本模块简洁地进行表示,避免了描述具有复杂参数的随机脉冲列的难题;其次,基本波形序列能够更加直观地反映出系统内部的变化规律;最后,在信号识别方面,用基本波形库比用统计参数能够得到更加可靠的结果.

(2)单一功能控制规律建模

信号产生和变化的主要规律就在于各种单一功能的执行策略.搜索一个空域时是怎样安排搜索波位和搜索顺序的?搜索帧周期是多少?对某个目标的跟踪更新率是多少?要回答诸如这些问题都必须对各种单一功能进行建模.

(3)多功能并行规律建模

多功能混合模型用于描述各单一功能模块之间的联系,这种联系包括两个方面,一方面是不同功能的任务共享资源,最常见的情况就是不同的任务竞争同一时间槽;另一方面是任务之间具有触发关系,例如搜索任务发现目标后引发的确认任务等.我们需要对这种模块之间的联系进行建模,以便能够回答诸如在保持正常搜索的同时,能够跟踪多少个目标这类问题.

3 多功能雷达信号模型

上节介绍了多功能雷达信号的层级结构以及每个

层次的控制规律,本节对其进行简要的形式化的表示.

(1)波形库模型

多功能雷达的每个基本波形可以用一个符号来表示,波形库则表示为一个符号的集合

$$W = \{w_1, w_2, \dots, w_n\}$$

其中, n 为基本波形的数量.由于 w_i 包含较少的脉冲,因此,可以方便地用类似脉冲样本图的方式来描述.

设 Σ 为一个元素为符号的有限集, Σ^* 表示 Σ 的Kleene闭包,即由 Σ 中的元素组成的所有有限长的字符串的集合.那么,多功能雷达产生的任何信号 $s \in W^*$.

(2)单一功能控制规律模型

对信号的产生和变化规律进行建模,实际上就是要描述计算机上运行着怎样的程序.软件的编码方式多种多样,我们无从了解具体的程序逻辑,只需要从功能实现的角度,用一种统一的形式,来等价地对其输出规律进行建模.

对于用符号序列 s 来描述的信号,软件的控制规律相应地建模为符号序列的产生规则 Γ .多功能雷达的单一功能通常可以用相对简单的产生规则 Γ 来描述.以常规搜索为例,可以用一个长度和顺序都固定符号序列来表示

$$s = s_1 s_2 \dots s_i \dots s_l$$

其中, s_i 代表第 i 个波位上发射的基本波形.再比如对某一目标的跟踪功能可以建模为如图4所示的HMM模型.

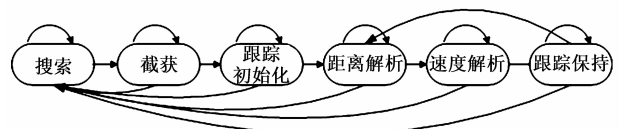


图4 描述单目标跟踪规则的马尔可夫模型

(3)多功能混合模型

多功能混合模型需要有效描述各个功能模块之间的联系,建模方式与调度程序有很大关系.对于复杂的情况,需要采用图模型或网络模型在表示各个部分之间的相互关系.

4 多功能雷达信号解析方法

对于一个由代码控制的复杂动态系统,如何通过分析系统输出来重建系统内部的控制规律,是一个复杂的逆向工程问题.这一问题在生命科学领域^[16,17],特别是基因工程等领域,受到了广泛而深入的研究,建立了许多有效的模型和方法.通过将多功能雷达和生物细胞进行类比,我们发现两者在系统结构和运行机制

上存在着高度的相似性.在此基础上,提出利用生命科学中的研究成果解决多功能雷达信号解析问题.

下面首先简要地介绍细胞的生化过程,然后将细胞与多功能雷达系统做类比,指出两者之间的高度相似性.借鉴生物基因工程的研究方法,提出适用于多功能雷达信号解析的处理框架、研究手段和数学工具.

4.1 DNA、基因、蛋白质、基因表达和基因调控

脱氧核糖核酸(DNA)是生命代码的载体.它是由四种核苷酸组成的长链,分别用 A、G、C、T 来表示.生命的一切信息都编码在由这四个字母组成的序列中.

基因^[18]是 DNA 中具有固定顺序的一个片段,用于保存特定的编码信息,该信息指导着某种蛋白质的合成.每种生物都有一个独特的基因组,其中保存着该生物体所需的所有蛋白质的模板信息.

蛋白质是生物体内主要的工作部件.细胞内包含多种相互作用的蛋白质,每种蛋白质都是一个纳米级别的分子装置,能够高精度地执行一种特殊任务.

按照基因合成蛋白质的过程称为基因表达.通过“转录”和“翻译”过程,氨基酸按照基因中携带的信息结成长链,并折叠成具有一定三维结构和功能的蛋白质.

基因调控是一种复杂的控制机制,它通过控制各种蛋白质的合成来应对不断变化的外部环境.例如,当细胞检测到糖分子后,启动能量转化过程,生成一系列蛋白质,将糖分子运输进入细胞体内,并加以利用转化为细胞能量.基因调控同时控制着多种生化过程,保证整个系统协调一致地运行.基因调控规律同样以代码的形式存储在 DNA 序列中.生物越复杂,用于基因调控的区域就越多.例如在原核生物的 DNA 中,编码基因调控的部分占 10% ~ 15%,而人类 DNA 中约 99% 都用于基因调控^[17].事实上,基因本身只是一组模板,基因调控机制在生命生发挥着更大的作用.

4.2 生物基因技术的研究内容和研究方法

揭示 DNA 编码控制生命活动的规律,是后基因组时代研究的主要课题.经过广泛而深入的研究,已经建立了一整套分析和处理生物数据的理论和方法,主要包括以下几个方面:

(1) 基因识别

在 DNA 序列中发现和定位基因片段是基因组测序计划的主要目标之一.目前,已开发了多种基因识别方法和程序,主要可分为两类:独立识别法和比较识别法.独立识别法无须借助或参照外部其他序列,而是充分利用许多生物意义上的重要序列信号特征,建立有效的模型来进行识别.例如著名的 GenMark 程序采用了 5 阶马尔可夫链模型^[19]、GenMark.hmm 采用持续隐马尔

可夫模型^[20]等.比较识别法利用数据库或其他同源序列信息来识别基因区域.输入一条查询序列后,首先在现有数据库中搜索与之相似的若干序列簇,然后基于相似序列簇中的基因结构推断原始查询序列的基因特征.

(2) 多级序列特征提取

在生物序列中,除了一维的排序特征外,还存在着丰富的高维特征.进一步分析、处理和利用这些高维特征,对于序列之间的比较、识别和功能预测等都有重要意义.目前,全世界范围内已经建立起了庞大的多级生物信息数据库^[16,17],用于存储一维生物序列,序列模体特征,蛋白质的三维结构和功能信息,以及蛋白质组相互作用关系等信息.

序列特征提取的方法主要有序列比对^[21]的方法和模体识别^[22]方法等.序列特征也有多种表示方法^[16],例如正则表达式、序列谱、序列指纹图谱、隐马尔可夫模型(HMM)、模糊正则表达式等.

(3) 基因组、蛋白质组分析

基因组、蛋白质组分析的目的是要找出参与同一生化过程的各种基因和蛋白质,并分析它们之间的关系.这些基因和蛋白质往往被共同调控,具有共表达的特点.细胞实现某一功能的过程中涉及哪些蛋白质?它们之间动态的相互作用关系如何?这些问题的解决是最终阐明细胞中各种生命活动机制的关键所在.

当前主流的研究方法是利用基因芯片等高通量数据,采用基因表达聚类、显著性检验、神经网络分类等方法^[17,23,24],研究共表达基因或参与相同生物过程的蛋白质.

(4) 基因调控机制建模

基因调控机制建模^[25]研究的问题主要包括揭示基因及其产物之间的相互作用、建立基因之间相互作用的关系网络并对关系网络进行生物信息学分析等.对这样一个复杂系统的研究,通过观测细胞在各种输入下的输出,即在不同环境和刺激下合成的蛋白质或其他产物,然后用逆向工程^[26,27]的方法来构建整个系统的模型.

数学上,已经发展了多种网络和图理论来对复杂的生物系统进行描述、分析和建模.这些方法包括:布尔网络^[28]、petri 网^[29]、贝叶斯网络^[27,30]、离散差分方程和基于规则的体系^[17]等.通过将网络理论应用于生物系统,能够将生物语言转化成网络语言,用于运算并处理复杂数据中隐含的大量关系.

4.3 多功能雷达与生物细胞运行机制的相似性

通过比较多功能雷达系统和生物细胞的组成结构和运行机制,可以发现两者之间存在着高度的相似性.

(1) 基本波形与基因

基本波形与基因都是系统的基本组成元素. 多功能雷达将所有基本波形保存在波形库中, 在雷达运行过程中, 具体的雷达任务是对基本波形的一个例化; 在生物细胞中, 基因保存在染色体中, 在某个生化过程中, 当需要某种蛋白质时, 就以对应的基因为模板, 合成该蛋白质分子, 去执行特定的任务. 对于某个多功能雷达或某种生物体来说, 其基本波形或基因的种类是有限的, 都可以用一个符号的有限集来表示.

(2) 雷达任务与蛋白质

雷达任务和蛋白质作为系统的执行单元, 用于实现特定的目的. 多功能雷达根据收集到的各种信息, 产生出不同的雷达任务, 来应对外界环境的变化; 同样, 在细胞中, 蛋白质在几乎所有的核心生命过程中都发挥着重要作用, 例如进行能量代谢、催化生化反应等.

(3) 雷达功能与细胞生化功能

多功能雷达与生物细胞都同时运行着多种功能, 每种功能都通过执行一系列的任务或产生一系列的蛋白质来实现. 这些功能之间既保持相对的独立性, 又通过一定的方式相互联系. 例如多功能雷达同时跟踪多个目标, 对每个目标都会独立地执行搜索、确认、跟踪初始化、跟踪保持等一系列任务, 并且在资源紧张的情况下, 会将资源优先分配给威胁较大的目标; 在细胞中, 以能量转化和利用功能为例, 会产生一系列的蛋白质来运输、分解和转化糖分子, 为细胞提供能量, 当同时存在葡萄糖和乳糖时, 也会优先地利用比较容易分解的葡萄糖.

(4) 软件控制机制与基因调控机制

多功能雷达与生物细胞的各种功能都是由代码控制的, 这些代码在多功能雷达中以软件程序的形式存在, 在细胞中则以 DNA 序列的形式存在. 我们对具体的编码方式都不了解, 希望通过分析系统输出, 用一种统一的、形式化的方式来建模这种由代码控制的运行规律.

研究表明, 生物网络, 包括基因调控网络, 与人类的工程系统一样, 都遵循着某些一般的设计原理, 其中最主要的是模块化和分层设计^[31], 这可以从生物网络的拓扑结构和某些实验中得到验证^[32]. 基因调控网络的这些特点是为了实现各种功能, 大部分生物学功能都是由特定的基因和蛋白质群实现的, 构成分离的功能模块, 这些模块在更高的层次上结合成更复杂的结构. 同样, 多功能雷达的软件系统用不同的模块来控制不同的功能, 并且用上层的任务调度和资源管理等软件来协调整个系统的运行.

4.4 多功能雷达信号解析的处理框架和研究手段

多功能雷达信号解析与生物基因分析在本质上是相同的, 都是要通过分析系统的输出, 来对以编码形式

存在的控制规律进行建模, 这使得我们可以利用生物基因工程中的方法来处理多功能雷达信号解析问题. 借鉴生物基因技术的研究方法和研究工具, 本文提出了多功能雷达信号解析的处理框架, 如图 5 所示.

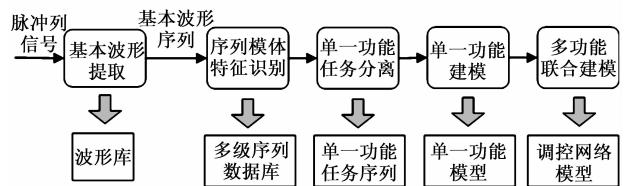


图5 多功能雷达信号解析处理框架

(1) 基本波形提取

基本波形提取, 就是要建立多功能雷达的基本波形的集合, 也就是恢复雷达的波形库. 基本波形提取一方面需要利用多功能雷达信号本身的特点, 例如脉冲幅度或相位的变化, 来确定基本波形之间的边界. 另一方面, 借鉴基因识别中的比较识别方法, 利用数据库中已有的信息来提高识别效果.

(2) 序列模体特征识别

信号经过基本波形提取之后, 转化为符号序列的形式, 多功能雷达软件的控制规律就隐藏在该符号序列中. 序列模体是指序列中具有固定规律的符号排列方式, 一般较短, 它反应了序列的结构特征. 在不对多功能雷达的控制规律做任何假设的情况下, 我们可以在多个层次上提取序列的模体特征, 构成多级序列数据库, 用于信号的比较、分类和识别等操作. 序列模体可以用序列比对和模体识别的各种方法来构建, 表示为序列谱、指纹图谱、隐马尔可夫模型、模糊正则表达式等形式.

(3) 单一功能任务分离

多功能雷达并行执行多种功能, 其信号是多种功能交织在一起的结果. 在对单一功能建模前, 需要将信号按照对应功能分成不同的部分. 实现同一功能的任务往往同时出现, 具有共表达的特点. 利用这一特点, 采用表达谱聚类、显著性检验、神经网络分类等方法, 分离出对应单一功能的任务序列.

(4) 单一功能建模

得到单一功能对应的符号序列以后, 需要对其进行模型化表示. 不同功能的执行规律不同, 需要的模型也不同, 我们需要详细分析雷达的工作机制, 选择合适的模型样式, 然后通过训练序列来不断地优化模型的结构和参数. 常用的模型包括有限状态模型、HMM 模型、句法模型等.

(5) 多功能联合建模

多功能联合建模是对多种功能并行执行时的信号产生和变化规律进行建模. 任务调度和资源管理程序

的控制下,多功能雷达的不同功能的任务之间相互联系,构成了一种控制和转化的关系网络.借鉴基因调控网络的建模方法,可用贝叶斯网络、布尔网络、混合 petri 网等模型对其建模.

4.5 多功能雷达信号解析实例

下面以文献[33]中的一个简化的多功能雷达为例,来说明如何利用生物基因技术对多功能雷达信号进行解析.该多功能雷达是一种典型的防空雷达,采用一个固定的阵面,波形库中包括 7 种不同的基本波形.搜索空域被划分成三个区域,设计最多同时独立跟踪 30 个目标.雷达控制软件以任务调度程序为中心设计,按照一定的优先级算法生成执行任务序列,并映射成最终的脉冲列信号.

对截获的信号进行解析,首先要找出多功能雷达信号的所有“基因”,即重建雷达的波形库.一种可行的方法是利用相控阵天线离散扫描造成的阶梯型脉冲列幅度特征来划分基本波形.图 6 给出了利用基因识别中的异常基因检测方法^[34]获得的划分结果.对于示例的多功能雷达而言,波形库可以简单地表示为 $W = \{a, b, c, d, e, f, g\}$.这样,脉冲形式的截获信号可以统一地表示为字符序列的形式.

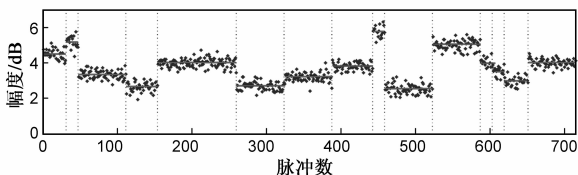


图6 利用阶梯型脉冲列幅度特征来提取基本波形

接下来,通过分析字符序列,在不同的层面上对该多功能雷达的软件控制规律进行解析.

在不借助任何先验知识的情况下,通过识别序列模体可以得到软件控制规律的一些局部特征.例如,如果发现序列 abc 经常出现,那么我们就有理由认为这种组合用于执行特定的任务,或者至少它们之间具有较强的因果关系,具体的情况仍然较大程度地依赖于经验.序列模体可以用正则表达式^[21]等形式进行表示,并存储在模体特征数据库中.例如 $ab?c$ 和 $ab * c$ 分别表示 ab 和 c 之间有一个或多个任意符号的模体.模体之间的组合规律等仍然可以建立更高维的数据库.这些数据库存储了软件的不同控制规律的特征,可用于雷达信号的分类、识别和功能预测等.

进一步地,我们尝试借鉴生物基因中的表达谱聚类 and 序列比对等方法,将交错的符号序列按照功能分成不同部分,并对其进行模型化表示.图 7 给出了一个利用“多序列比对”方法分离搜索任务序列的结果^[35].图中每一行代表一个周期内执行的搜索和跟踪任务序

列(其中‘-’代表空位).通过比对,可以将具有固定执行顺序的搜索序列(对应图上方的序列谱中峰值较高的列)与随机产生的跟踪序列分离开来.图 7 中显示的部分搜索规律可以简单地表示为固定的符号序列: $\dots acfgafbbaaafbbffbfcaagbgfacbbbg \dots$.

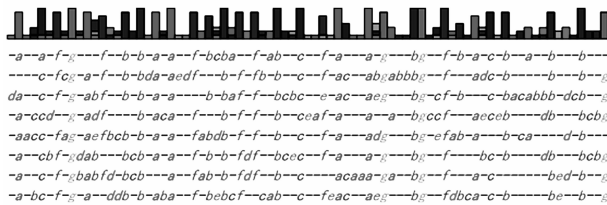


图7 利用序列比对分离搜索任务序列

对多功能雷达信号进行解析的最终目标是希望能够通过分析系统输出,建立多功能雷达的“基因调控网络模型”来描述其软件整体上的控制规律.在这种模型中,网络节点对应雷达任务,边对应任务之间的联系,网络的拓扑结构和参数表明了整个系统各要素之间的因果关系和转换概率等.目前,基因调控网络的研究是生物基因工程研究中的热点,也是后基因组时代研究的核心内容,各种模型仍然在不断地尝试和完善中.如何利用这些模型来有效描述多功能雷达的控制规律,仍然有很多工作要做,本文尚无法给出明确的答案,是进一步研究的重要方向.

5 结论

多功能雷达信号具有“功能/任务/脉冲”的层级结构,其产生和变化规律受软件程序的控制,具有复杂的结构和变化方式.本文类比了多功能雷达系统与生物细胞在系统结构和运行机制上的相似性,指出多功能雷达信号解析问题与生物基因分析问题在本质上的一致性.借鉴生物基因技术所采用的方法和工具,提出了多功能雷达信号解析的研究框架、研究手段和数学工具.将信号解析过程划分为基本波形提取、序列模体特征识别、单一功能任务分离、单一功能建模和多功能联合建模等几个阶段.可以预见,生物基因技术大量的研究成果、丰富的研究手段和研究工具,不仅能够应用于多功能雷达信号解析问题,在任何具有相似结构、由代码控制的系统分析领域都有着广阔的应用前景.

参考文献

[1] Lavoit P. Hidden Markov Modeling for Radar Electronic Warfare[P]. U. S. Patent: 6788243, 2004-09-07.
 [2] Visnevski N, Haykin S, et al. Syntactic modeling and signal processing of multifunction radars: A stochastic context-free grammar approach[J]. Proceedings of the IEEE, 2007, 95(5): 1000-1025.

- [3] Roe J, Pudner A. The real-time implementation of emitter identification for ESM[A]. IEE Colloquium on Signal Processing in Electronic Warfare[C]. London: IET, 1994. 1 – 6.
- [4] 刘海军. 雷达辐射源识别关键技术研究[D]. 长沙: 国防科学技术大学, 2010.
LIU Hai-jun. Researches on Identification Key Technology for Radar Emitter[D]. Changsha: National University of Defense Technology, 2010. (in Chinese)
- [5] 王遵禄, 陈婷, 罗景青. 基于脉冲样本本图的雷达辐射源识别方法[J]. 雷达科学与技术, 2009, 7(4): 284 – 288.
WANG Zun-lu, CHEN Ting, LUO Jing-qing. An algorithm for radar emitter recognition based on pulse sample figure[J]. Radar Science and Technology, 2009, 7(4): 284 – 288. (in Chinese)
- [6] Kauppi J, Martikainen K, Ruotsalainen U. Hierarchical classification of dynamically varying radar pulse repetition interval modulation patterns[J]. Neural Networks, 2010, 23(10): 1226 – 1237.
- [7] Visnevski N. Syntactic Modeling of Multi-function Radars[D]. Hamilton: McMaster University, 2005.
- [8] Wang A, Krishnamurthy V. Modeling and interpretation of multifunction radars with stochastic grammar[A]. Aerospace Conference 2008 IEEE[C]. Big Sky: IEEE, 2008. 1 – 13.
- [9] Wiley R G. ELINT: The Interception and Analysis of Radar Signals[M]. Norwood, MA: Artech House, 2006. 251 – 253.
- [10] 陈铭. 后基因组时代的生物信息学[J]. 生物信息学, 2004, 2(2): 29 – 34.
CHEN Ming. Bioinformatics in the post-genetic era[J]. China Journal of Bioinformatics, 2004, 2(2): 29 – 34. (in Chinese)
- [11] 胡卫东, 郁文贤, 等. 相控阵雷达资源管理的理论和方法[M]. 北京: 国防工业出版社, 2010. 29 – 38.
HU Wei-dong, YU Wen-xian, et al. The Theory and Method of Phased Array Radar Resource Management[M]. Beijing: National Defense Industry Press, 2010. 29 – 38. (in Chinese)
- [12] 张光义. 相控阵雷达原理[M]. 北京: 国防工业出版社, 2009. 9 – 24
ZHANG Guang-yi. Principles of Phased Array Radar[M]. Beijing: National Defense Industry Press, 2009. 9 – 24. (in Chinese)
- [13] Sergio S, Tarantino M. Multifunction Array Radar: System Design and Analysis[M]. Norwood, MA: Artech House, 1994. 214 – 254.
- [14] 周颖, 王雪松, 王国玉, 等. 相控阵雷达最优波位编排的边界约束算法研究[J]. 电子学报, 2004, 32(6): 997 – 1000.
ZHOU Ying, WANG Xue-song, WANG Guo-yu, et al. Study on boundary-confined algorithm of optimal beam position arrangement for phased array radar[J]. Acta Electronica Sinica, 2004, 32(6): 997 – 1000. (in Chinese)
- [15] Suvorova S, Cochran D, Howard S, et al. Waveform libraries[J]. IEEE Signal Processing Magazine, 2009, 26(1): 12 – 21.
- [16] 谈莲莎, 史密斯. 生物信息学概论[M]. 罗静初, 等, 译. 北京: 北京大学出版社, 2002. 43 – 82.
- [17] 泽瓦勒贝 M, 鲍姆 J. 理解生物信息学[M]. 李亦学, 郝沛主, 译. 北京: 科学出版社, 2012. 124 – 154.
- [18] Pearson H. Genetics: What is a gene[J]. Nature, 2006, 441(7092): 398 – 401.
- [19] Borodovsky M, McIninch J. GenMark: Parallel gene recognition for both DNA strands[J]. Computer & Chemistry, 1993, 17(2): 123 – 133.
- [20] Lukashin A, Borodovsky M. GeneMark. HMM: new solutions for gene finding[J]. Nucleic Acids Research, 2001, 26(4): 1107 – 1115.
- [21] Thompson D, Higgins G, Gibson J. CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice[J]. Nucleic Acids Research, 1994, 22(22): 4673 – 4680.
- [22] Martin T, Li N, Timothy B, et al. Assessing computational tools for the discovery of transcription factor binding sites[J]. Nature Biotechnology, 2005, 23(1): 137 – 144.
- [23] Tamayo P, Slonim D, Mesirov J, et al. Interpreting patterns of gene expression with self-organizing maps: methods and application to hematopoietic differentiation[J]. Science, 1999, 96(6): 2907 – 2912.
- [24] Sturn A, Quackenbush J, Trajanoski Z. Genesis: Cluster analysis of microarray data[J]. Bioinformatics, 2002, 18(1): 207 – 208.
- [25] Jong H. Modeling and simulation of genetic regulatory system: a literature review[J]. Journal of Computational Biology, 2002, 9(1): 67 – 103.
- [26] Hartemink A. Reverse engineering gene regulatory networks[J]. Nature Biotechnology, 2005, 23(5): 554 – 555.
- [27] Basso K, Margolin A, Stolovitzky G. Reverse engineering of regulatory networks in human B cells[J]. Nature Genetics, 2005, 37(4): 382 – 390.
- [28] Shmulevich I, Dougherty E, Zhang W. From Boolean to probabilistic Boolean networks as models of genetic regulatory networks[J]. Proceedings of The IEEE, 2002, 90(11): 1778 – 1792.
- [29] Steggless L, Banks R, Shaw O, et al. Qualitatively modeling and analyzing genetic regulatory networks: A petri net approach[J]. Bioinformatics, 2007, 23(3): 336 – 343.
- [30] Friedman N, Linial M, Nachman I, et al. Using Bayesian network to analyze expression data[J]. Journal of Computational Biology, 2000, 7(3 – 4): 601 – 620.
- [31] Tavazoie S, Hughes J, Campbell M. Systematic determination of genetic network architecture[J]. Nature Genetics, 1999, 22:

281 – 285.

- [32] Gavin A, Aloy P, Grandi P, et al. Proteome survey reveals modularity of the yeast cell machinery[J]. Nature, 2006, 440: 631 – 636.
- [33] Butler J. Tracking and Control in Multi-function Radar[D]. London: University of London, 1998.
- [34] Venkatraman E, Olshen A. A faster circular binary segmentation algorithm for the analysis of array CGH data[J]. Bioinformatics, 2007, 23(6): 657 – 663.
- [35] 马爽, 王莹桂, 柳征, 等. 基于序列比对的多功能雷达搜索规律识别方法[J]. 电子学报, 2012, 40(7): 1434 – 1439. MA Shuang, WANG Ying-gui, LIU Zheng, et al. A method for search schema recognition of multifunction radars based on sequence alignment[J]. Acta Electronic Sinica, 2012, 40(7): 1434 – 1439. (in Chinese)

作者简介



马 爽 男, 1981 年生于辽宁锦州. 现为国防科学技术大学博士研究生. 主要研究方向为综合电子战、航天信息处理.

E-mail: mashuang@nudt.edu.cn



柳 征 男, 1978 年生于江西瑞昌. 现为国防科技大学电子科学与工程学院副研究员, 博士. 主要研究方向为综合电子战系统与技术.

E-mail: liuzheng@nudt.edu.cn