

一种新的矢量量化索引值分配算法

王 粤, 余松煜, 钱团结

(上海交通大学图像通信与信息处理研究所, 上海 200030)

摘 要: 借鉴于生物免疫系统强大的防御能力, 本文提出了一种免疫克隆(MCIAA)算法. 该算法能更好地在群体的收敛性和个体的多样性之间保持动态平衡, 有效地克服了局部收敛和早期收敛问题. 将该算法应用于噪声信道矢量量化索引值分配寻优中, 在存在信道噪声时, 可较好地提高矢量量化器的性能. 模拟试验表明该算法比其他算法有更好的增益和收敛速度.

关键词: 矢量量化; 索引值分配; 噪声信道; 免疫系统; 克隆

中图分类号: TN911.21 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2004) 10-1734-04

A Novel Index Assignment Algorithm on Noisy Channel

WANG Yue, YU Songyu, QIAN Tuanjie

(Institute of Image Communication and Information Processing, Shanghai Jiaotong University, Shanghai 200030, China)

Abstract: Enlightened by the defence ability of immune system, a novel immune clone index assignment algorithm (MCIAA) is presented. The new algorithm has a good effort to adjust the dynamic balance between colony's convergence and individual's diversity, and effectively overcomes the problem of local optimal resolution. In this paper, we apply this algorithm to the vector quantization (VQ) index assignment on noisy channel. Simulation result conforms that the algorithm yields a significant reduction in average distortion and converges in less short time compared to other algorithms.

Key words: vector quantization; index assignment; noisy channel; immune system; clone

1 引言

矢量量化是近年来日趋成熟的信源压缩编码技术, 根据香农率失真理论, 矢量量化总能获得比其他基于标量量化的编码方法更好的压缩性能. 目前, 它已广泛地应用于低比特率的语音、图像编码和模式识别等领域, 但由于在通信系统中使用矢量量化, 在信源端被选中的码字矢量的二进制索引值在通过噪声信道时, 有可能被噪声污染, 引起失真, 导致接收端得到的是同一码字的另一索引值, 从而使重建的子块出现差错, 由此, 如何克服矢量量化在经过噪声信道时引起的系统性能下降就成了一个非常重要的问题. 传统的方法是引入差错控制, 如前向纠错码(FEC), 需要增加冗余比特来保护信道的二进制索引值, 这是一种将信源编码和信道编码分开进行设计的方法. 另一类则属于信源信道联合编码, 即在不引入冗余比特的情况下, 考虑存在一给定的噪声信道的情况下, 进行码字的索引值分配优化(IA), 本文就是考虑这类解决办法. 对 N 个码字而言, 通常有 $N!$ 个索引值分配方式, 为了得出最优码书采取穷举法显然是不合适的. Zeger 和 Gersho^[1]提出了一种基于二进制开关算法(BSA), 该算法本身的复杂性较高, 并且由于采用的是单调下降算法, 因此只能获得局部最优解. Kna2

genhjem^[2]提出了一个基于 Hadamard 变换的线性开关算法(LSA). Chang W.2M^[3]设计了一种非冗余的矢量量化系统, 根据信道概率转移特性的 Hadamard 变换, 将矢量量化索引值进行分类并优化, 获得了很好的效果. Pan J. S^[4]将传统的并行遗传算法应用于码书的索引值设计中. Jean Cardinal^[5]提出了基于多描述矢量量化编码的索引值优化的局部最优算法. 文献[6]则提出了基于进化理论的 EAIAA 算法, 能较好的接近全局最优解, 但其搜索效率较低. 本文提出了一种免疫克隆算法, 该算法借鉴了生物免疫系统中的克隆增殖和生物在免疫过程中保持个体多样性的能力, 能够很好地在群体的收敛性和个体多样性之间保持动态平衡, 从而明显提高了搜索效率, 实现索引值的最优分配. 仿真结果表明, 该算法在提高噪声信道矢量量化器的性能方面比 BSA 和 EAIAA 有显著提高, 同时收敛速度也得到了明显的改善.

2 噪声信道矢量量化和索引值分配优化

噪声信道中的矢量量化是将输入信源矢量序列中的每一个矢量, 用一个与该输入矢量距离最近的码本矢量的二进制码字, 即码本索引值来编码, 然后将该索引值码字经信道传送到接收端, 在接收端可通过查表将与该索引值相对应的码字

解码出来. 图 1 为噪声信道矢量量化器的结构框图.

图 1 中的 En, De 分别为编码器和解码器映射函数, 输入矢量

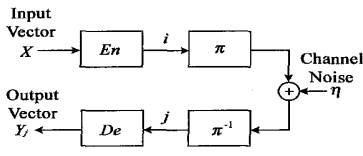


图 1 噪声矢量量化器结构图

经编码器 En 编码之后的索引值 i 在信道上传输, 由于噪声的影响, 通常接收端可能得到与该索引值不同的值, 这样一个无记忆噪声信道就可以表示为一个映射 S: 即 $S(i) = i \odot G \{0, 1\}^b$, \odot 为逐位加操作, G 为信道噪声. 对每一个二进制索引值 $i \in \{0, 1\}^b$, P 唯一地映射了 i 到另一 $\{0, 1\}^b$ 集合的一个索引值, 表示为 P(i), 一个排列 P 可被视为对量化矢量的一个编排顺序, 也就是码书矢量索引值按照最优方式的重新排序. 由此, 我们可以得出噪声信道矢量量化器的 Q_p 为

$$Q_p = De \cdot P^{-1} \cdot S \cdot P \cdot En \quad (1)$$

· 为连接符号. 对于一个给定的矢量量化器 Q 和一给定噪声信道, 要找到一个矢量量化器 Q_p , 使其平均误差最小. 其平均误差可表示为:

$$e_p = E[d(X, Q_p(X))] = E[d(X, Y_i)] \quad (2)$$

这也就是决定用哪种分配方案 P 使 e_p 最小, 这一过程需要共同考虑信源和信道的统计特性. 若将 $d(X, Y)$ 用范数 $\|X - Y\|_r$ 表示, 则

$$e_p = E[\|X - Y_i\|_r] = E[\|X - Y_i\|_r + \|Y_i - Y_j\|_r] F U_p$$

$$U_p = \{ (E[\|X - Y_i\|_r])^{1/r} + (E[\|Y_i - Y_j\|_r])^{1/r} \}^r \quad (3)$$

由此可以看出, e_p 存在一个上限, 该上限由两部分组成, 第一部分与变换 P 无关, 第二部分是随着 P 的选择不同而变化的量, 这样, 最小化上限就变成最小化 $D_p = E[d(Y_i, Y_j)]$, 下标 P 表示该期望值依赖于排列 P. 在无记忆二进制对称信道(Binary Symmetric Channel, BSC) 中, 期望值 D_p 可表示为一非常简单的形式^[4]:

$$D_p = \sum_{k=0}^{N-1} \sum_{m=0}^b f_p(y_k) q_m \sum_{w \in N^m(R(k))} d(y_k, y_{P^{-1}(w)}) \quad (4)$$

N 为码书长度, $N = 2^b$, $f_p(y_k)$, ($0 \leq k \leq N - 1$) 为由输入矢量的统计特性决定的码书矢量的概率密度函数, 它给出了一个特定码矢被选择用来编码输入矢量的概率, 其在使用训练矢量产生输入码书时, 通过对每一个码矢被选为最佳匹配码矢的频率进行统计计数而获得先验概率; $q_n = E^m(1 - E)^{b-m}$, E 为信道位差错概率(BER); $d(\cdot, \cdot)$ 为均方误差, $d(X, Y_i) = \sum_{j=1}^k (x_j - y_{ij})^2$.

3 生物免疫系统和相关算法

3.1 生物免疫的概念

免疫系统^[7]的主要功能就是识别体内细胞, 将其分为有害病原和机体自身组织, 并引发适当的防卫机制去排除有害病原或体内病变组织. 免疫功能主要由分布在生物体全身的免疫细胞实现, 包括吞噬细胞, 淋巴细胞和 NK 细胞. 淋巴细

胞又分为 B 细胞和 T 细胞. B 细胞的主要功能是产生抗体, 免疫系统就是依靠抗体来对入侵的抗原进行识别, 攻击, 从而保护有机体. T 细胞的主要功能是调节其他细胞的活动或直接对抗原实施攻击. 成熟的 B 细胞产生于骨髓中, 成熟的 T 细胞产生于胸腺之中. B 细胞和 T 细胞成熟之后进行克隆增殖, 分化, 再遇到外来抗原入侵时, 两种细胞相互作用, 激发产生匹配抗体, 使抗原得到抑制, 从而使免疫系统又达到某种稳定状态, 这样, 系统总是处于既稳定又能及时对外部刺激产生应答的状态.

3.1.2 克隆选择原理

克隆选择的大致机理如下: 当淋巴细胞实现对抗原的识别后, B 细胞被激活并增殖复制, 随后克隆细胞经历变异过程, 产生对抗原具有特异性的抗体, 当然在克隆选择中只有具有成功识别抗原的免疫细胞才能进行克隆增殖. 克隆选择的过程就是亲合度成熟的过程, 当抗原亲合度较低的个体在克隆选择机制的作用下, 经历增殖复制和变异操作后, 其亲合度逐渐成熟, 这也可看成是自然选择, 变异, 进化的过程, 而克隆选择原理也可通过交叉, 变异等遗传算子和群体控制机制来实现.

基于克隆选择原理, De Castro^[8]提出了克隆选择算法模型, 它的主要算法核心在于增殖复制算子和变异算子, 克隆选择算法在编码机制和评价函数的构造上与遗传算法基本一致, 但搜索的策略和步骤有所不同.

3.1.3 免疫算法

在遗传算法中, 最令大家头疼的问题就是早期收敛和局部收敛的问题. 人们也因此提出很多改进的办法. Jang^[9]由生物免疫系统的多样性受到启发, 提出了一种鼓励群体多样性的免疫算法, 使群体中的某些个体能够跳出局部最优, 更有效地达到全局最优解, 克服了遗传算法中的早期收敛和局部收敛. 该算法的主要核心是引入信息熵的概念, 由它来表明群体中抗体的多样性.

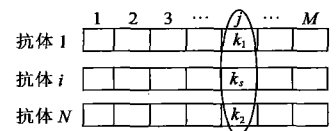


图 2 抗体的信息熵

如图 2 中有 N 个抗体, 每个抗体有 M 个基因

组成, 则这 N 个抗体的信息熵为:

$$H(N) = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M H_j(N) \quad (5)$$

其中, $H_j(N) = - \sum_{i=1}^N P_{ij} \log P_{ij}$, P_{ij} 为 N 个抗体中的第 j 位为字母 k_i 的概率, $H_j(N)$ 为 N 个抗体第 j 位的信息熵. 这样, 我们就可以利用信息熵的概念来表示两抗体之间的相似度, 抗体 v 和 w 之间的相似度为:

$$a_{vw} = \frac{1}{1 + H(2)} \quad (6)$$

由此, 就可利用式(6)将群体中相似度很高的部分个体排除在选择之外, 从而保证群体中个体的多样性.

4 免疫克隆算法(MCIAA)用于噪声信道矢量量化的索引值分配

遗传算法在求解问题时, 其根本目标之一是追求群体的

收敛性,但为保证算法趋于全局最优,必须始终保持个体在进化过程中的多样性,这就需要在群体的收敛性和个体的多样性之间取得平衡.笔者在研究过程中发现克隆选择算法能极大地提高群体收敛的速度,但在保证群体的多样性方面则有所欠缺,由此设计了一种引入信息熵的概念,保证在克隆选择算法中实现群体多样性的办法,从而使算法更有利于趋近全局最优.本文中使用时由 LBG 算法设计的 VQ 码书形成的初始群体,经过免疫克隆算法的迭代搜索过程之后,最终停止并输出一个码书矢量的二进制索引值分配方案.

4.1 种群的建立和变异机制

在本算法中,我们将一个大小为 N 的完整码书看作是群体的一个个体,而将该码书的每个码书矢量对应的索引值看作个体的基因,根据个体所表示的意义,个体上的每个基因值应该互不相等,这样的个体是合法的个体,才允许参加下一代的选择操作.由于克隆免疫算法需要由多个个体组成的种群参与进化过程,因此本算法的种群由多个索引值排序不同的个体组成,变异算子采用将个体上的不同基因相互进行交换实现^[6].

变异概率 P_m 在传统遗传算法中起着非常重要的作用,但对变异概率的大小却一直没有一个统一的定义,多为经验值.笔者通过研究和仿真试验发现,变异概率过大,会使个体总是处于大范围的变化当中,使得高适应度的个体结构很快就会被破坏,非常不利于算法的收敛,而变异概率过小,虽然有利于逐步的收敛,但会使搜索过程缓慢,以至停滞不前,且极有可能导致局部收敛.由此总结出在迭代初期以较大概率使该算法较快地搜索到较好的个体,然后变异概率随着进化代数的增大逐渐减小.本文采用的变异概率函数如式(7)所示:

$$P_m = 0.08 @ \frac{1}{\sqrt{2P @ \text{shape}}} \exp\left(\frac{-(t/T)^2}{2 @ \text{shape}^2}\right) \quad (7)$$

其中, shape 为形状因子,它控制变异概率函数的形状趋势. t 为当前进化的代数, T 为进化过程的总代数.

4.2 算法描述

Step 1: 初始化:按照输入码书的索引值,产生一个初始个体 $G_0(0)$.

Step 2: 初始种群:由 $G_0(0)$ 通过变异操作产生第一代种群 $G_1(0), G_2(0), \dots, G_M(0)$, 种群规模为 M . 以公式(4)作为适应度函数来计算各种群个体的适应度值,将其按数值从小到大排序,且将 n 个适应度值最小的个体放入记忆库中.

Step 3: 克隆个体:从记忆库中取出 n 个个体,对其进行克隆复制,适应度值最小的个体克隆的个体数也相应最多,然后根据适应度值从小到大的顺序,克隆的个体数依次减小.

Step 4: 变异:将克隆的各个个体进行变异,变异概率采用式(7),并计算其适应度值.

Step 5: 选择:利用信息熵的概念,按照公式(6)计算所有个体之间的相似度,在个体之间相似度超过阈值 T_r 的个体中只保留适应度值最低的一个个体,其余均剔除排序队伍,然后重新排序,保留适应度值最低的 M 个个体,并用适应度值最低的 n 个个体替代原记忆库中的个体.

Step 6: 结束判决:如果 $t > T$, 则 $t = t + 1$, 返回 Step3, 否则按适应度值最小的个体进行索引值分配,产生新码书,结束循环.

5 仿真结果

为了与矢量量化算法相比较,本算法中在生成矢量量化码书时,采用标准的 LBG 算法.与传统上采用的训练数据一样,采用一阶高斯马尔可夫序列,该序列能较好地反映数据之间的相关性,其序列生成式是 $x_i = \mathbf{A}x_{i-1} + w_i$, 其中 \mathbf{A} 为相关系数,决定生成的训练数据间的相关性,取为 0.9, 0.5 和 0, w_i 为独立的高斯白噪声,生成的码书采用 $k=2$ 和 $k=4$ 两种维数,码书大小 N 分别为 8, 16, 32, 64, 128, 256, 噪声信道采用二进制对称信道(BSC),其信道差错概率分别为 $E=10^{-25}, 10^{24}, 10^{23}, 10^{22}, 10^{21}$. 将用 LBG 算法生成的码书作为输入初始码书,迭代次数 T 为 180, 群体数 M 为 8, 变异概率函数中的形状因子 shape 为 0.5, 个体相似度阈值 T_r 为 0.185, 记忆库的个数 n 为 5, 克隆个体数依据记忆库中个体的适应度值从小到大的次序分别复制 5, 4, 3, 2, 1 个个体,该克隆免疫算法训练后,输出最佳个体所对应的新码书,并计算其量化器的信噪比 SNR, R 为高斯马尔可夫序列信源样本 X 的方差, MSE 为均方误差.在本算法中,每生成一套最优码书,都进行 10 次完整的算法计算,计算每一次的 SNR, 然后取平均值作为最后的评测数据.图 4 所示为本算法与 BSA 和 EAIAA 算法的 SNR 随信道差错概率 E 变化的性能比较,码书尺寸和码书维数分别为 (32, 2), (128, 2) 和 (256, 4), \mathbf{A} 分别为 0.9, 0.5 和 0.

从图 3 可以看出,本文提出的免疫克隆算法与 BSA, EAIAA 算法相比,最佳码书的信噪比有较显著的提高.比 BSA 算法的 SNR 大约平均提高 11.52. 21.5 dB, 比 EAIAA 的 SNR 平均提高 11.02 11.8 dB. 本算法的另一个优点就是算法的收敛速度明显加快, EAIAA 算法大概要迭代 300 次左右才能大致收敛,本算法在 100 次左右就可以几乎接近全局最优解,从而明显节省了平均计算时间.

6 结论

根据生物免疫系统的抗体更新机制,本文提出了免疫克

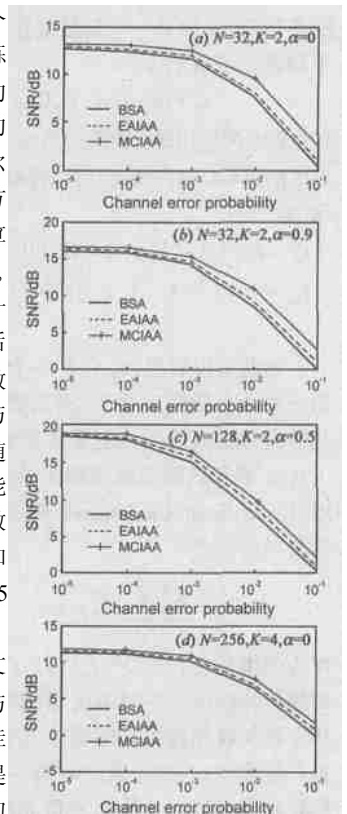


图 3 各算法在不同信道差错概率下的性能比较

隆算法,并将其用于噪声信道的矢量量化索引值分配中,该算法能使索引值分配更接近全局最优,收敛速度更快,在噪声信道中明显提高矢量量化器的性能,同时仿真结果也充分说明了该算法的有效性.本文方法同样也适用于其他的组合优化,多峰值函数寻优,模式识别等问题.

参考文献:

- [1] K Zeger, A Gersho. Pseudo Gray coding [J]. IEEE Trans Commun, 1990, 38(12): 2147- 2158.
- [2] Knagenhjelm, Agrele. The Hadamard transform))) a tool for index assignment [J]. IEEE Trans Inf Theory, 1996, 42(4): 1139- 1151.
- [3] Chang WM, Hsu H I. Index assignment in vector quantisation for channels with memory [J]. IEE Proceeding Vision, Image and Signal Processing, 2002, 49(3): 162- 167.
- [4] Pan J S, McInnes F R, Jack M A. Application of parallel genetic algorithm and property of multiple global optimal to VQ codevector index assignment for noisy channels [J]. IEE Electronics Letters, 1996, 32(4): 296- 297.
- [5] Jean Cardinal. Entropy constrained index assignment for multiple description quantizers [J]. IEEE trans on signal processing, 2004, 52(1): 265- 270.
- [6] 李天昊, 余松煜, 张高. 基于进化算法的矢量量化索引值分配算法 [J]. 电子学报, 2002, 30(6): 876- 879.
- [7] 肖人彬, 王磊. 人工免疫系统: 原理, 模型, 分析及展望 [J]. 计算机学报. 2002, 25(12): 1281- 1293.

[8] Leandro N. de Castro, Fernando J. Von Zuben. Learning and optimization using the clonal selection principle [J]. IEEE Trans on evolutionary computation, 2002, 6(3): 239- 251.

[9] Jang Sung Chun, Min Kyu Kin, Hyun Kyo Jung. Shape optimization of electromagnetic devices using immune algorithm [J]. IEEE Trans on Magnetics, 1997, 32(2): 1876- 1879.

作者简介:



@sjtu. edu. cn

王 粤 女, 1971 年生于甘肃省兰州市, 1992 年获得兰州大学电子与信息专业学士学位, 1997 年获兰州大学数字图像处理和计算机视觉专业硕士学位, 现在为上海交通大学图像通讯与信息处理研究所博士研究生, 目前主要致力于矢量量化、联合信源信道编码及其在视频图像压缩、视频流传输中的应用研究. Email: yuewang23



余松煜 男, 1941 年出生于上海, 1963 年毕业于上海交通大学电子工程系, 上海交通大学图像通信与信息处理研究所副所长, 教授、博士生导师, 主要从事数字电视、图像通信、图像处理等方面的研究, 已发表 5 数字图像处理 6、5 现代图像压缩编码技术 6 等著作及论文多篇, 并获多项科研奖励.