

# 基于量子克隆优化的 SAR 图像分类

马文萍, 焦李成, 张向荣, 李阳阳

(西安电子科技大学智能信息处理研究所, 陕西西安 710071)

**摘要:** 将量子交叉操作引入人工免疫系统中的克隆选择优化, 提出了一种用于解决 SAR 图像分类问题的量子克隆优化算法, 基于 Markov 理论证明了其收敛性. 新算法采用克隆选择操作同时也在同一抗体周围的多个方向进行搜索, 通过在各个子群体间采用量子交叉算子增强抗体间的信息交换, 有效地克服了早熟现象. 对 X 波段和 Ku 波段 SAR 图像的分类实验表明, 与模糊 C 均值算法、K 近邻算法和克隆选择算法相比, 新算法的平均分类精度分别提高了 13.57%、11.79% 和 5.79% 个百分点, 而且新算法的鲁棒性也明显优于其他三种方法.

**关键词:** 克隆选择; 量子计算; SAR 图像; 图像分类

**中图分类号:** TP18 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112(2007)12-2241-06

## SAR Image Classification Based on Quantum Clonal Optimization

MA Werr ping, JIAO Li Cheng, ZHANG Xiang-Rong, LI Yang-yang

(Institute of Intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an, Shaanxi 710071, China)

**Abstract:** Based on the clonal selection optimization with quantum crossover, a novel Quantum Clonal Optimization Algorithm is proposed for solving SAR image classification problems, theoretical analysis based on the theory of Markov has proved that the new algorithm could converge to the global optimum. The new algorithm can carry out searching in many directions around the same antibody simultaneously. The proposed quantum crossover operator realizes the information interactions among the sub population so as to prevent premature convergence effectively. The experimental results on X-band and Ku-band SAR images indicate that compared with the Fuzzy C means algorithm, the K-Nearest Neighbor algorithm, and the Clonal Selection Algorithm, the average correct rate of the new algorithm is improved by 13.57%, 11.79% and 5.79%, and the robust of the new algorithm also outperforms the other three methods.

**Key words:** clonal selection; quantum computing; SAR image; image classification

### 1 引言

合成孔径雷达(SAR)是微波遥感的代表,有着非常广泛的应用领域. SAR 图像的分类是进一步理解和解释 SAR 图像的关键技术. 在实际应用中, 遥感图像分类分为监督分类和非监督分类. 监督分类需要有足够的先验知识; 非监督分类是按照某种相似性准则对样本进行合并或分类, 具有自组织、不需要先验知识的优点. 传统的非监督分类算法例如: Fuzzy C-means<sup>[1]</sup>(FCM), 其优点是具有良好的收敛性, 缺点是对算法初始值相当敏感, 易于陷入局部极值; Cover 和 Hart 提出的 K 近邻算法<sup>[2]</sup>(KNN)是一种简单、有效的分类方法, 但是要想 KNN 获得最佳性能, 则要求样本数  $N \rightarrow \infty$ . 因此, 有效非监督分类算法成为人们研究的前沿课题.

不同于以上提到的传统的分类算法, 基于人工免疫系统中的克隆选择理论<sup>[3]</sup>, 克隆算子本身具有局部寻优能力强的特点, 而量子系统综合表现为一种不可分的并行分布式处理系统, 因而将生物进化和量子理论结合起来会更好模拟信息处理过程. 因此提出一种用于 SAR 图像分类的量子克隆优化算法(Quantum Clonal Optimizer

Algorithm, QCOA), 并从理论上证明算法的全局收敛性. 实验结果表明了新方法的有效性.

### 2 基于量子克隆优化的 SAR 图像分类

#### 2.1 量子进化算子设计

1958 年 Burnet 等提出了著名的克隆选择学说<sup>[3]</sup>, 其中心思想为, 抗体是天然产物, 以受体的形式存在于细胞表面, 抗原可与之选择性地反应. 克隆选择是生物体免疫系统自适应抗原刺激的动态过程, 在这一过程中所体现出的学习、记忆、抗体多样性等生物特性, 正是人工免疫系统所借鉴的. 由于克隆算子是以在局部增加种群规模来换取局部寻优能力强的智能算法, 但当我们的问题规模增加时, 此算法将无法满足需求, 而量子系统具有和生物相似的动力学特征<sup>[8]</sup>, 因而将克隆选择理论和量子理论相结合可以有效提高原算子的搜索效率. 本文提出的基于量子克隆优化算法的分类方法包括以下主要操作: 克隆操作、克隆变异操作、量子交叉操作和克隆选择操作.

**抗原:** 抗原一般指问题及其约束. 针对 SAR 图像分类问题, 抗原代表图像的特征向量.

抗体: 抗体在人工免疫系统中一般指问题的候选解. 在输入图像的特征数据之后, 抗体作为候选聚类中心参与整个克隆选择过程, 每一个候选解采用二进制编码.

集  $I$  称为抗体空间, 抗体群  $A = \{a_1, a_2, \dots, a_{n_b}\}$  为抗体  $a$  的  $n_b$  元组, 是抗体种群空间  $I^{n_b}$  的一个点, 即

$$I^{n_b} = \{A: A = (a_1, a_2, \dots, a_{n_b}), a_k \in I, 1 \leq k \leq n_b\} \quad (1)$$

其中, 正整数  $n_b$  称为抗体种群规模.

抗体-抗原亲和度: 在人工免疫系统中, 一般指候选解对问题的适应性度量. 假设抗体种群为  $A = \{a_1, a_2, \dots, a_{n_b}\}$ , 种群中心为  $C = \{c_1, c_2, \dots, c_{n_b}\}$ , 抗体-抗原亲和度定义为:

$$d_j = \sum_{i=1}^{n_b} |a_i - c_i|, \quad j = 1, 2, \dots, k \quad (2)$$

$$f_j = -d_j$$

其中  $k$  为某一样区的样本总数. 样本个体至种群中心的距离  $d_j$  越小, 则亲合度  $f_j$  就越大. 种群中心  $C$  由种群内所有样本个体的各个特征值取均值得到. 则该分类问题的全局最优解集为:

$$B^* = \{a \in I: f(a) = f^* = \max(f(a'): a' \in I)\} \quad (3)$$

对于抗体种群  $A$ ,  $\vartheta(A) \equiv |A \cap B^*|$ , 表示抗体种群  $A$  中包含的最优解个数.

克隆: 在人工免疫系统中, 对抗体种群  $A(k)$  的克隆操作  $T_c^C$  定义为:

$$Y(k) = T_c^C(A(k)) = [T_c^C(a_1(k)), T_c^C(a_2(k)), \dots, T_c^C(a_{n_b}(k))]^T \quad (4)$$

其中  $T_c^C(a_i(k)) = I_i \times a_i(k)$   $i = 1, 2, \dots, n_b$ ,  $I_i$  为元素为 1 的  $q_i$  维行向量,  $q_i \in [1, n_c]$  为一自适应参数, 也可以设定为一常数,  $n_c$  为设定的克隆比例上限. 克隆后的种群为:

$$Y(k) = \{Y_1(k), Y_2(k), \dots, Y_{n_b}(k)\} \quad (5)$$

其中  $Y_i(k) = \{Y_{ij}(k)\} = \{Y_{i1}(k), Y_{i2}(k), \dots, Y_{iq_i}(k)\}$ ,  $Y_{ij}(k) = a_i(k), j = 1, 2, \dots, q_i$ .

上述克隆过程与免疫学中的克隆类似, 是简单的无性繁殖过程. 同一个抗体  $a_i$  经过克隆后形成的亚群体  $Y_i(k)$  中的所有抗体与抗体  $a_i$  具有完全相同的属性.

克隆变异: 根据给定的变异概率  $p_m$ , 克隆之后的抗体种群按如下方式进行变异操作:

$$Z(k) = T_m^C(Y(k)) = (-1)^{rand \cdot am} \leq p_m Y(k) \quad (6)$$

量子交叉: 通常采用的交叉操作如单点交叉、多点交叉、均匀交叉、算术交叉等, 它们的共同点是限制在两个个体之间, 当交叉的两个个体相同时, 它们都不再奏效. 在这里, 我们使用基于量子的相干特性构造的一

种新的交叉操作——“全干扰交叉”<sup>[4]</sup>. 在这种交叉操作中, 种群中的所有染色体均参与交叉. 若种群数为 5, 染色体长为 8, 表 1 示出其中的一种具体操作:

表 1 全干扰交叉前

No.	抗体							
1	A(1)	E(2)	D(3)	C(4)	B(5)	A(6)	E(7)	D(8)
2	B(1)	A(2)	E(3)	D(4)	C(5)	B(6)	A(7)	E(8)
3	C(1)	B(2)	A(3)	E(4)	D(5)	C(6)	B(7)	A(8)
4	D(1)	C(2)	B(3)	A(4)	E(5)	D(6)	C(7)	B(8)
5	E(1)	D(2)	C(3)	B(4)	A(5)	E(6)	D(7)	C(8)

经过全干扰交叉操作后, 种群中的抗体变为如表 2 所示:

表 2 全干扰交叉后

No.	抗体							
1	A(1)	A(2)	A(3)	A(4)	A(5)	A(6)	A(7)	A(8)
2	B(1)	B(2)	B(3)	B(4)	B(5)	B(6)	B(7)	B(8)
3	C(1)	C(2)	C(3)	C(4)	C(5)	C(6)	C(7)	C(8)
4	D(1)	D(2)	D(3)	D(4)	D(5)	D(6)	D(7)	D(8)
5	E(1)	E(2)	E(3)	E(4)	E(5)	E(6)	E(7)	E(8)

如上所示的是一种按对角线重新排列组合的交叉方式, 称为“全干扰交叉”. 上面仅给出一种方式, 还可以采用不同的方法产生“交叉基因位”来实施交叉. 这种交叉方式的优点是当两个抗体一摸一样后, 避免由于普通交叉在两个相同的个体上不起作用的弊端, 从而充分利用种群中的尽可能多的抗体的信息.

对变异后抗体种群  $Z(k)$  的量子交叉操作  $T_q^C$  定义为:

$$Z(k)' = T_q^C(Z(k)) \quad (7)$$

克隆选择:  $\forall i = 1, 2, \dots, n_b$ , 若存在交叉后抗体  $a'_i(k) = \max\{Z'_{ij}(k)\} = \{Z'_{ij}(k) | \max\{Z'_{ij}(k)\} j = 1, 2, \dots, q_i\}$ , 那么  $a'_i(k)$  代替  $a_i(k) \in A(k)$  的概率为:

$$T_s^k(a_i(k) = a'_i(k)) = \begin{cases} 1, & \text{when } f(a_i(k)) < f(a'_i(k)) \\ 0, & \text{when } f(a_i(k)) \geq f(a'_i(k)) \end{cases} \quad (8)$$

种群更新为:

$$A(k+1) = \{a_1(k+1), a_2(k+1), \dots, a'_i(k+1), \dots, a_{n_b}(k+1)\} \quad (9)$$

其中  $a'_i(k+1) = a_j(k+1) \in A(k+1) i \neq j, f(a'_i(k+1)) = f(a_j(k+1)), a_j(k+1)$  是当前种群  $A(k+1)$  中最好的个体.

算法终止条件: 本文设定停止准则作为上述算法的终止条件. 停止准则定义为:

$$|f^f - f^a| < \varepsilon \quad (10)$$

其中,  $f^f$  是前一代进化时种群的总亲和度,  $f^a$  是后一代进化时种群的总亲和度,  $\varepsilon$  为设定的阈值.

## 2.2 算法的实现策略

本文算法的操作主要通过三个步骤实现: 首先是

选择训练样区; 其次利用克隆优化操作对训练样区样本进行训练, 得到各个样区所代表类别的聚类中心; 最后是利用得到的聚类中心对整幅 SAR 图像进行分类。下面是具体的算法描述:

步骤 1: 选择训练样区。根据分类所需的类别数和已知类别属性的图像地物选择训练样区;

步骤 2: 将每一个训练样区的样本数据转换为二进制代码串, 产生初始种群  $A(0) = \{a_1(0), a_2(0), \dots, a_{n_b}(0)\}$ , 种群内所有个体取均值得到初始种群中心  $C(0) = \{c_1(0), c_2(0), \dots, c_{n_b}(0)\}$ 。设定抗体群规模  $n_b$ 、克隆规模  $n_c$ 、给定变异概率  $p_m$ 、交叉概率  $p_c$ 、交叉种群比例  $T\%$  以及编码长度  $l$ 。  $k = 0$ ;

步骤 3: 计算种群  $A(k)$  中所有抗体的抗体-抗原亲合度;

步骤 4: 根据克隆规模  $n_c$  和抗体-抗原亲合度值计算  $A(k)$  中每个抗体  $a_i$  的克隆比例  $q_i(k)$ ;

步骤 5: 对  $A(k)$  进行克隆操作  $T_c^C$ , 得到克隆后的抗体种群  $Y(k)$ ;

步骤 6: 以概率  $p_m$  对  $Y(k)$  进行克隆变异操作  $T_m^C$ , 得到抗体种群  $Z(k)$ ,  $Z(k) = T_m^C(Y(k))$ ;

步骤 7: 以概率  $p_c$  对  $Z(k)$  进行量子交叉操作  $T_q^C$ , 将  $Z(k)$  中亲合度弱的  $T\%$  个抗体用  $T\%$  个亲合度强的抗体采用量子交叉操作生成的抗体来替代, 形成新种群  $Z'(k)$ :  $Z'(k) = T_q^C(Z(k))$ ;

步骤 8: 对  $Z'(k)$  进行克隆选择操作  $T_s^C$ , 得到抗体种群  $A'(k)$ ,  $A'(k) = T_s^C(Z'(k))$ ;

步骤 9: 满足算法终止条件, 输出  $A'(k)$ , 停止。否则,  $A(k+1) = A'(k)$ ,  $k = k+1$ , 转步骤 3;

步骤 10: 取得最优聚类中心。最后得到的种群的种群中心即为该样区的最优聚类中心;

步骤 11: 对每个样区重复步骤 2 到步骤 10, 取得每个样区的最优聚类中心;

步骤 12: 图像分类。样区训练完成之后, 计算每一个象素到所有聚类中心的距离, 将象素判决到距离最小的那个聚类中心所属的类别中去。

### 3 算法收敛性与计算复杂性分析

#### 3.1 算法收敛性分析

定义 1 称  $I^* = \{A \in I^n \mid \vartheta(A) \geq 1\}$  为最优抗体种群空间。

该定义表明, 最优抗体种群空间中的抗体种群至少含有 1 个最优抗体。进一步称  $\bar{I}^* = I^n - I^*$  为普通抗体种群空间。另外, 称量子克隆优化操作导致变化的抗体空间为量子克隆优化抗体种群空间, 记为  $I^N$ , 这是一个变化的空间。

定义 2 如果对于任意的初始状态  $A_0$ , 均有

$$\lim_{k \rightarrow \infty} P\{A(k) \cap B^* \neq \emptyset \mid A(0) = A_0\} = \lim_{k \rightarrow \infty} P\{A(k) \in I^* \mid A(0) = A_0\} = 1 \quad (11)$$

$$\text{即: } \lim_{k \rightarrow \infty} P\{\vartheta(A(k)) \geq 1 \mid A(0) = A_0\} = 1 \quad (12)$$

则称算法以概率 1 收敛到最优种群集。该定义表明, 算法收敛是指当算法迭代到足够多的次数后, 群体中包含全局最佳个体的概率接近于 1。

定理 1 量子克隆优化算法是概率 1 收敛的。

证明:

记  $P_0(k) = P\{\vartheta(A(k)) = 0\} = P\{A(k) \cap B^* = \emptyset\}$ , 由贝叶斯条件概率公式有:

$$\begin{aligned} P_0(k+1) &= P\{\vartheta(A(k+1)) = 0\} \\ &= P\{\vartheta(A(k+1)) = 0 \mid \vartheta(A(k)) \neq 0\} \\ &\quad P\{\vartheta(A(k)) \neq 0\} + P\{\vartheta(A(k+1)) = 0 \mid \\ &\quad \vartheta(A(k)) = 0\} P\{\vartheta(A(k)) = 0\} \quad (13) \end{aligned}$$

由克隆选择的性质可知, 克隆选择获得的最优比克隆前好, 因此  $P\{\vartheta(A(k+1)) = 0 \mid \vartheta(A(k)) = 0\}$  所以  $P_0(k+1) = P\{\vartheta(A(k+1)) = 0 \mid \vartheta(A(k)) = 0\} P_0(k)$

$$\text{又: } P\{\vartheta(A(k+1)) = 1 \mid \vartheta(A(k)) = 0\}_{\min} > 0 \quad (15)$$

$$\text{记: } \zeta = \min_k P\{\vartheta(A(k+1)) = 1 \mid \vartheta(A(k)) = 0\}_{\min}, \quad k = 0, 1, 2, \dots$$

$$\begin{aligned} P\{\vartheta(A(k+1)) = 1 \mid \vartheta(A(k)) = 0\} &\geq \zeta > 0 \quad (16) \\ P\{\vartheta(A(k+1)) = 0 \mid \vartheta(A(k)) = 0\} &= 1 - P\{\vartheta(A(k+1)) \neq 0 \mid \vartheta(A(k)) = 0\} \\ &= 1 - P\{\vartheta(A(k+1)) \geq 1 \mid \vartheta(A(k)) = 0\} \\ &\leq 1 - P\{\vartheta(A(k+1)) = 1 \mid \vartheta(A(k)) = 0\} \\ &\leq 1 - \zeta < 1 \quad (17) \end{aligned}$$

因此:

$$0 \leq P_0(k+1) \leq (1-\zeta) \times P_0(k) \leq (1-\zeta)^2 \times P_0(k-1) \dots \leq (1-\zeta)^{k+1} \times P_0(0) \quad (18)$$

因为:  $\lim_{k \rightarrow \infty} (1-\zeta)^{k+1} = 0$ ,  $1 \geq P_0(0) \geq 0$  所以

$$0 \leq \lim_{k \rightarrow \infty} P_0(k) \leq \lim_{k \rightarrow \infty} (1-\zeta)^{k+1} P_0(0) = 0 \quad (19)$$

故,  $\lim_{k \rightarrow \infty} P_0(k) = 0$

$$\text{因此: } \lim_{k \rightarrow \infty} P\{A(k) \cap B^* \neq \emptyset \mid A(0) = A_0\} = 1 - \lim_{k \rightarrow \infty} P_0(k) = 1$$

即:  $\lim_{k \rightarrow \infty} P\{A(k) \in I^* \mid A(0) = A_0\} = 1$  定理 1 得证。

#### 3.2 算法计算复杂性分析

设克隆规模  $N_c$  以及编码长度为  $l$ , 则算法每迭代一次的时间复杂性可按以下计算: 克隆操作的时间复杂度为  $O(N_c \times l)$ ; 克隆变异操作的时间复杂度为  $O(N_c \times l)$ ; 量子交叉操作的时间复杂度为  $O(N_c \times l)$ 。因此总的时间复杂度最差为:  $O(N_c \times l) + O(N_c \times l) + O(N_c \times l)$ 。根据符号  $O$  的运算规则并化简, 量子克隆

优化算法每迭代一次的时间复杂度最差为:  $O(N_c \times l)$

## 4 实验结果

### 4.1 三类 SAR 图像分类

#### 4.1.1 X 波段 SAR 图像分类

实验 1 选取瑞士一湖区的 X 波段 SAR 子图像对新算法进行测试, 图像大小为  $140 \times 155$  像素, 如图 1(a) 所示。其中包含三类地物: 湖泊、城区和山地。选取各类具有代表性的区域作为训练样本, 其中湖泊 225 个样本, 城区 121 个样本, 山地 289 个样本, 共 635 个样本点。测试样本集包括湖泊 196 个, 城区 100 个, 山地 256 个共 552 个样本。对于图像中的每个像素, 首先对其进行特征提取, 由于基于灰度共生矩阵的统计量在纹理分析中表现出良好的特性, 因此, 依据文献[5]对图像提取基于灰度共生矩阵的 3 维特征, 分别是: 对比度、熵和两个相关性信息测度。

为了说明算法的优越性, 我们考虑将其与焦李成等提出的克隆选择算法以及传统的分类算法相比, 它们分别是 CSA<sup>[3]</sup>、FCM 和 KNN。新算法中各个参数的设置如下: 抗体种群规模  $n_b = 100$ , 克隆规模  $n_c = 5$ ; 编码长度  $l = n^* m$ ,  $n$  表示特征向量的维数,  $m$  表示每一个特征采用的二进制编码数; 变异概率  $p_m = 2/l$ , 交叉概率  $p_c = 0.8$ ; 交叉种群比例  $T\% = 0.5$ ; 终止条件阈值  $\varepsilon = 0.005$ 。CSA 的参数设置如下: 抗体种群规模  $n_b = 100$ , 克隆规模  $n_c = 5$ ; 变异概率  $p_m = 2/l$ ; 终止条件阈值  $\varepsilon = 0.005$ ; 最大迭代代数  $g_{\max} = 500$ 。实验 1 分类结果如图 1 所示。

从图 1 的分类结果看, 采用 KNN 和 FCM 时, 错分现象比较严重, 将很多本属于山地的像元错分到湖泊类和城区类; 采用 CSA 时, 也程度不同地将山地错分; 而采用 QCOA 时, 三个地物的错分现象明显减少, 山地和城区的错分也较其他三钟算法得到了很大的改进。

为了进一步验证新方法的有效性, 本文将该方法与其

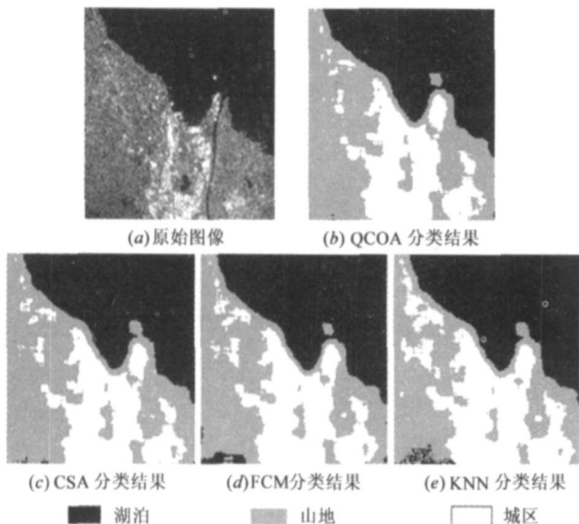


图 1 X-SAR 图像分类

他三种方法进行分类精度的定量比较。比较方法采用常用的混淆矩阵, 总精度和 Kappa 系数<sup>[6]</sup>, 比较结果见表 3 和表 4, 从表 3 看出, 平均精度分别由传统分类方法的 83.88%, 89.86% 提高到 QCOA 的 97.10%, Kappa 系数由传统分类方法的 0.7298 提高到 QCOA 的 0.9543。从表 4 看出 CSA、FCM 和 KNN 的混淆矩阵对角线元素之和均小于 QCOA 混淆矩阵的对角线元素之和, 这说明 QCOA 正确分类的像元数比传统分类方法和 CSA 有所增加。

表 3 实验 1 四种分类方法平均分类精度和 Kappa 系数的比较

精度	KNN	FCM	CSA	QCOA
平均分类精度%	83.88	89.86	93.66	97.10
Kappa 系数	0.7298	0.8450	0.9015	0.9543

表 4 实验 1 四种分类方法混淆矩阵的比较

算 法		湖泊	城区	山地	总数
KNN	湖泊	196	0	0	196
	城区	0	100	89	100
	山地	0	0	167	125
	总数	196	100	256	463
FCM	湖泊	196	0	0	196
	城区	0	100	56	156
	山地	69	0	200	200
	总数	196	100	256	496
CSA	湖泊	196	0	0	147
	城区	0	100	35	100
	山地	0	0	221	245
	总数	196	100	256	517
QCOA	湖泊	196	0	0	196
	城区	0	100	16	116
	山地	0	0	240	240
	总数	196	100	256	536

#### 4.1.2 Ku 波段 SAR 图像分类

实验 2 选取位于新墨西哥州 Albuquerque 城附近的 Rio Grande 河流的 Ku 波段 SAR 图像, 图像大小为  $256 \times$

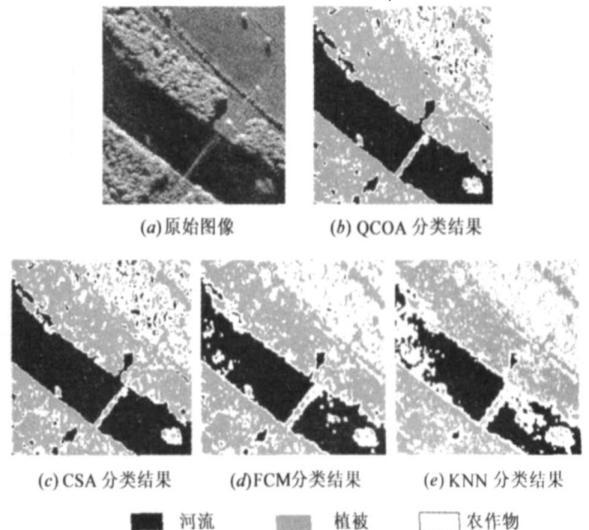


图 2 Ku-SAR 图像分类

256 像素, 如图 2(a) 所示. 包含三类地物: 植被、河流和农作物. 选取训练样本: 植被 225 个, 河流 121, 农作物 256 共 602 个样本点, 测试样本: 植被 196, 河流 100, 农作物 196 共 492 个样本点. QCOA 与 CSA 的参数设置与实验 1 相同. 实验 2 得到的分类结果如图 2 所示.

从图 2 的分类结果来看, 采用 KNN 时, 农作物和河流, 植被和农田的错分显现比较严重; KNN 和 FCM 对边界点的错分现象也比较严重, 都将河流与植被的边界错分为农作物; 而 QCOA 和 CSA 的错分显现明显减少, 河流得了正确地分类. 但是比较图 2(b) 和 2(c), QCOA 对于植被的错分与 CSA 相比得到了很大的改进. 表 5 和表 6 列出了四种算法分类精度的定量比较.

表 5 实验 2 四种分类方法平均分类精度和 Kappa 系数的比较

精度	KNN	FCM	CSA	QCOA
平均分类精度%	79.27	82.30	83.50	88.62
Kappa 系数	0.6767	0.7240	0.7430	0.8225

表 6 实验 2 四种分类方法混淆矩阵的比较

算法		植被	河流	农田	总数
KNN	植被	136	0	42	178
	河流	0	100	0	100
	农田	60	0	154	214
	总数	196	100	196	390
FCM	植被	128	0	19	147
	河流	0	100	0	100
	农田	68	0	177	245
	总数	196	100	196	405
CSA	植被	141	0	26	167
	河流	0	100	0	100
	农田	55	0	170	225
	总数	196	100	196	411
QCOA	植被	160	0	20	180
	河流	0	100	0	100
	农田	36	0	176	212
	总数	196	100	196	436

#### 4.2 四类别 SAR 图像分类

图 3 是一幅 256×256 的无人机载 X-SAR 图像, 包含四种地物: 水体、城区和两种农作物. 分别从每类地物中选取 49 个样本点作为训练样本, 分别选择 64、49、81、64 个样本点组成测试样本集合. QCOA 与 CSA 的参数设置与实验 1 相同. 实验 3 得到的分类结果如图 3 所示.

表 7 实验 3 四种分类方法平均分类精度和 Kappa 系数的比较

精度	KNN	FCM	CSA	QCOA
平均分类精度%	65.50	79.85	81.84	92.64
Kappa 系数	0.5405	0.7742	0.8051	0.9010

从图 3 四种算法的分类结果来看, 采用 FCM 时, 错分现象比较严重, 农作物 2 几乎没有被识别出来, 其他三类的错分像元也很多; KNN 和 CSA 在类与类间的边界处都出现了错分现象; 而 QCOA 的分类方法得到了比

较满意的分类结果, 从分类精度上也说明了这一点, 如表 7 和表 8 所示:

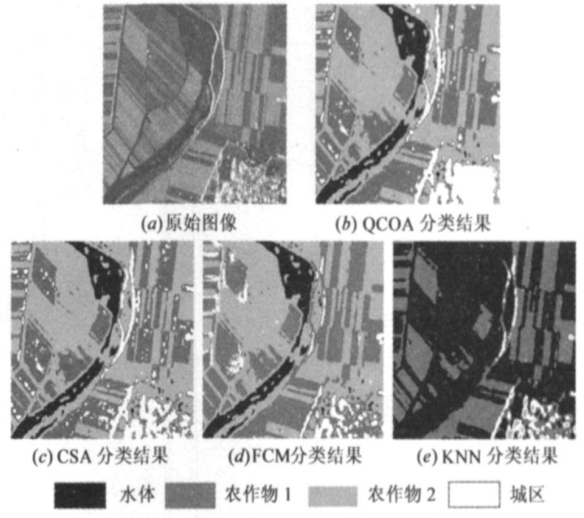


图 3 3m X-SAR 图像分类

表 8 实验 3 四种分类方法混淆矩阵的比较

算法		水体	城区	农作物 1	农作物 2	总数
FCM	水体	64	6	60	0	130
	城区	0	20	0	0	20
	农作物 1	0	0	21	0	21
	农作物 2	0	23	0	64	87
	总数	64	49	81	64	169
KNN	水体	64	0	0	0	64
	城区	0	21	0	15	36
	农作物 1	0	4	81	0	85
	农作物 2	0	24	0	49	73
CSA	水体	64	0	0	0	64
	城区	0	18	0	6	24
	农作物 1	0	4	81	0	85
	农作物 2	0	27	0	58	85
QCOA	水体	64	0	0	0	64
	城区	0	44	0	14	58
	农作物 1	0	0	81	0	81
	农作物 2	0	5	0	50	55
	总数	64	49	81	64	239

#### 4.3 算法鲁棒性分析

某种分类方法  $m$  的鲁棒性在于它在不同情况下所表现出来的分类能力<sup>[7]</sup>. 具体地, 设共有  $k$  种分类方法, 某种方法的平均分类精度为  $P_m$ , 定义:

$$b_m = \frac{P_m}{\max_k P_k} \quad (20)$$

对于某种测试问题来说, 如果分类方法  $m$  对它的分类结果求得的  $b_m = 1$ , 那么这种分类方法称为最佳分类方法. 即  $b_m$  的值越大, 分类方法  $m$  的分类效果越好. 因此  $b_m$  之和是对该分类方法鲁棒性的一个很好的刻

画. 图 4 给出了每种分类方法对三个测试问题关于  $b_m$  值的分布情况. 可以看出: QCOA 的  $b_m$  之和最高, 这意味着 QCOA 的鲁棒性在四种分类方法中是最好的.

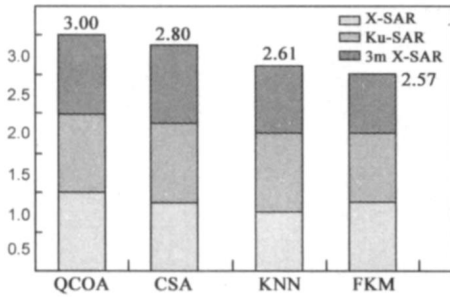


图 4 四种分类方法鲁棒性比较

#### 4.4 实验结果讨论

由图 1、图 2 和图 3 我们可以从人工目视判读上说明 QCOA 的分类效果要优于传统的分类方法和基于 CSA 的分类方法. 由表 3~ 表 8 中的统计数据可以得出 QCOA 分类的正确率要明显高于传统的分类方法和 CSA 的分类方法. 这是因为, 地物的复杂性以及噪声和孤立数据的多样性使得在真实的分类系统中达不到理想的分类条件, 这就使得传统的分类方法对 SAR 图像的分类具有较低的精度. 在相同的种群规模条件下, 三副图像无论从分类精度还是算法鲁棒性上, QCOA 都优于 CSA, 说明新算法不依赖于初始原型的选择, 量子交叉作用在抗体种群间, 增加信息交流, 克服进化后期的早熟, 加快收敛, 使得运算效率提高.

#### 5 结论与讨论

基于生物免疫系统的抗体克隆选择学说, 通过引入量子交叉操作, 提出了一种新的用于解决 SAR 图像分类问题的量子克隆优化算法. 通过采用克隆操作, 促使抗体群中抗体的快速进化, 量子交叉操作的引入充分利用种群中尽可能多的抗体信息, 克服普通抗体在进化后期的早熟现象. 这些特点使得新算法成功地用于解决分类问题.

理论分析与实验结果表明, 与传统的分类方法 KNN、FCM 和基于 CSA 的分类方法相比, 无论从分类精度还是鲁棒性比较上, 都显示出 QCOA 的分类效果及鲁棒性要优于其他分类方法. 在三个实验对不同波段和不同类别数的 SAR 图像分类中, 平均分类精度和 Kappa 系数都有了较大的提高, 这说明 QCOA 能够很好的处理不同波段及拥有不同地物特征的 SAR 图像分类问题, 并具有很高的精度.

#### 参考文献:

- [1] J C Bezdek. Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms[M]. New York: Plenum Press, 1981. 22- 56.
- [2] Cover T, Hart P. Nearest neighbor pattern classification[J]. IEEE

Transactions on Information Theory, 1967, 13(1): 21- 27.

- [3] Gong MG, Du HF, Jiao LC. Optimal approximation of linear systems by artificial immune response[J]. Science in China, Series F: Information Science, 2006, 49(1): 63- 79.
- [4] Narayanan A, Moore M. Quantum inspired genetic algorithms [A]. Proceedings of the International Congress on Evolutionary Computation[C]. USA: IEEE Press, 1996. 61- 66.
- [5] Clausi D A, Yue B. Comparing Cooccurrence Probabilities and Markov Random Fields for Texture Analysis of SAR Sea Ice Imagery[J]. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, 2004, 42(1): 215- 228.
- [6] G M Foody. Status of Land Cover Classification Accuracy Assessment[J]. Remote Sensing of Environment, 2002, 80(1): 185- 201.
- [7] M Vlachos, C Domeniconi, D Gunopulos, et al. Non linear dimensionality reduction techniques for classification and visualization[A]. Proceedings of the 8th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining[C]. Canada: Edmonton, 2002. 645- 651.
- [8] 刘芳, 李阳阳. 量子克隆进化算法. 电子学报, 2003, 31(12A): 2066- 2070

#### 作者简介:



马文萍 女, 1981 年 10 月生于陕西省铜川, 2003 年 7 月于西安电子科技大学计算机科学与技术专业, 获学士学位, 2003 年 9 月攻读西安电子科技大学人工智能专业硕士学位, 2004 年提前攻读西安电子科技大学模式识别与智能系统专业博士学位, 现为西安电子科技大学电子工程学院在职博士, 助教, IEEE 会员, 主要研究方向: 自然计算、图像处理.

E-mail: wpma@mail.xidian.edu.cn.



焦李成 男, 1959 年 10 月生于陕西省白水, 西安电子科技大学教授、博士生导师, IEEE 高级会员, 现为西安电子科技大学电子工程学院院长和西安电子科技大学智能信息处理研究所所长. 主要研究方向: 图像处理、自然计算、智能信息处理.



张向荣 女, 1978 年生于陕西省宝鸡, 1999 年于西安电子科技大学获计算机科学学士学位, 并分别于 2003 年 3 月和 2006 年 6 月于西安电子科技大学获硕士与博士学位, 2006 年 6 月至今任西安电子科技大学电子工程学院智能信息处理研究所讲师, IEEE 会员, 研究方向包括 AR 图像处理与理解、机器学习、模式识别.

李阳阳 女, 1979 年生于河南开封市, 博士, 讲师, IEEE 会员. 主要研究领域包括: 量子计算、模式识别与数据挖掘等.