

## 基于免疫克隆与核匹配追踪的快速图像目标识别

缙水平 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 西安 710071)

**摘要:** 为了避免核匹配追踪通过贪婪算法在基函数字典中寻找一组基函数的线性组合来逼近目标函数的计算量大的缺陷, 本文利用免疫克隆选择算法全局最优和局部快速收敛的特性, 加快对核匹配追踪算法每次的匹配过程进行优化, 提出了一种免疫克隆核匹配追踪图像目标识别算法, 该算法有效降低了核匹配追踪算法的计算量, 对UCI数据集和遥感图像进行的仿真实验结果表明, 相比标准核匹配追踪, 该算法保持相当识别率情况下可以明显缩短一次匹配追踪的时间, 尤其当字典规模较大时效果更为明显; 同基于遗传算法优化相比, 本文方法目标识别速度快, 精度高。

**关键词:** 图像目标识别; 核匹配追踪; 贪婪算法; 免疫克隆选择算法; 遗传算法

中图分类号: TP391.4

文献标识码: A

文章编号: 1009-5896(2008)05-1104-05

## Kernel Matching Pursuit Based on Immune Clonal Fast Algorithm for Image Object Recognition

Gou Shui-ping Jiao Li-cheng Zhang Xiang-rong Li Yang-yang

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

**Abstract:** In order to avoid the default of the greedy algorithm to Approximate given function by searching a linear combination of basis functions choosing from a redundant basis function dictionary for the Kernel Matching Pursuits (KMP), we make use of the global optimal searching ability and the locally quickly searching ability of Immune Clonal Selection Algorithm (ICSA) to speed up searching basic function data in function dictionary. And a method for object recognition of Kernel matching pursuits based on immune clonal selection algorithm is presented. This method reduces greatly computer time of the KMP algorithm. The simulation result of the UCI datasets, remote images and Brodatz images show the proposed algorithm can decrease obviously training time leave the classification accuracy almost unchanged, especially for the large size datasets as compared with the standard KMP. The method has higher classification speed and more accurate recognition rate over the matching pursuits based on Genetic Algorithm (GA).

**Key words:** Image object recognition; Kernel matching pursuits; Greedy algorithm; Immune Clonal Selection Algorithm(ICSA); Genetic Algorithm(GA)

### 1 引言

图像识别是模式识别的一个重要分支, 本文采用近年来新提出的一种模式识别方法——核匹配追踪算法作为分类器来进行图像识别。1993年Mallat和Zhang提出了匹配追踪算法(Matching Pursuit, MP)<sup>[1]</sup>, MP算法可以实现信号的“最佳”分解。基于此, 1994年Mallat等将信号的“最佳”分解从一维推广到二维图像的研究上, 并给出图像的匹配追踪算法<sup>[2]</sup>。受具有良好泛化性能的核方法—支撑向量机<sup>[3]</sup>的启发, 2002年Pascal和Yoshua提出了一种新颖的核机器学习方法—核匹配追踪学习机(Kernel Matching Pursuit Learning Machine, KMPLM)<sup>[4]</sup>, KMPLM同经典的支撑向量机(SVM)相比, 其分类性能相当, 却具有更为稀疏的解。

理论上匹配追踪算法是一种优秀的算法, 但它在实现上却是贪婪算法, 为了寻找最优时频原子, 迭代分解的每一步都要对时频原子字典进行全局搜索, 因而引入了惊人的计算量。在给定条件下, 图像实现信号的“最佳”分解是一个NP(Nondeterministic Polynomial)问题, 其计算的复杂度非常高, 随着搜索空间的增大, 计算量会迅速提高。如果字典中有两个或多个函数, 这一问题会更加严重。近年来, 高强等人提出了采用遗传算法(Genetic Algorithms, GA)、范虹等采用混合编码的遗传算法有效降低了MP算法的计算量<sup>[5, 6]</sup>, 但GA存在早熟的问题; 李恒建等采用量子遗传优化来降低匹配追踪算法的计算量<sup>[7]</sup>, 而量子遗传算法本身的搜索速度较慢, 此外2003年, Silva将遗传算法用于匹配追踪, 提出了“进化追踪原子分解”(atomic decomposition with evolutionary pursuit), 并提出一种多字典原子分解实现方法<sup>[8]</sup>, 该方法存在字典存储量大的问题。

以上方法的应用有效降低了MP算法的计算量, 但仍无

2007-09-18收到, 2007-12-24改回

国家“十一五”预研项目(51307040103)和国家“863”计划项目(20060101Z1119)资助课题

法避免稀疏分解过程中所需的巨大计算量和存储量的问题。因此, 我们采用一种新的进化算法——免疫克隆选择方法 (Immune Clonal Selection Algorithm, ICSA)<sup>[9]</sup>来优化KMP算法以降低其计算量。该方法引入了抗体、克隆和记忆单元机制并采用相应的算子, 使得该算法兼顾全局最优和局部快速搜索。基于此, 本文提出了免疫克隆核匹配追踪算法(ICSA-KMP), 为了寻找最优时频原子, 在迭代分解的每一步, 该算法通过使用免疫克隆选择机制代替贪婪搜索对时频原子字典进行全局寻优, 从而克服核匹配追踪算法的计算量大、耗时长的缺陷, 并利用该算法对UCI数据和遥感图像目标进行识别。

## 2 核匹配追踪算法及其性能分析

假定在Hilbert空间 $H$ 里有一个有限的函数集 $D$ 和一个目标函数 $f \in H$ , 如何找到一个 $\tilde{f}_n = \sum_{k=1}^n \alpha_k g_k$ 来拟合 $f$ 是我们需要解决的问题, 这里,  $(\alpha_1, \dots, \alpha_n) \in \mathbf{R}^n$ ,  $(g_1, \dots, g_n) \subset D$ , 当然, 必须有一个相应的准则来寻找 $(\alpha_1, \dots, \alpha_n)$ 和 $(g_1, \dots, g_n)$ , 一般我们以 $\min(\|\mathbf{R}_n\|^2 = \|f - \tilde{f}_n\|^2)$ 为准则。上述的寻找 $(\alpha_1, \dots, \alpha_n)$ 和 $(g_1, \dots, g_n)$ 的过程就称之为匹配追踪过程。

核匹配追踪分类算法是一种利用核函数集进行寻优的匹配追踪方法, 通过核映射将训练样本映射成为一组基原子字典, 它是在基本匹配追踪算法的基础上, 给定具体的核函数来代替函数 $g$ , 进而利用匹配追踪的思想来寻找权系数 $\omega_i$ 和基函数数据 $\mathbf{x}_i$ , 从而得到有效的分类决策函数, 若考虑到常数项, 则函数 $\tilde{f}_n$ 的近似形式可表示为

$$\tilde{f}_n(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n \omega_i K(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i) + \omega_0 \quad (1)$$

这里,  $\mathbf{x}_i$ 是分类器基函数数据, 训练的过程是以 $L = \{(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1), \dots, (\mathbf{x}_l, \mathbf{y}_l)\}$ 为训练的有限维数据空间的。

根据以上描述KMP算法计算代价主要花费在寻找权系数 $\omega_i$ 和基函数数据 $\mathbf{x}_i$ , 然而每次寻找都是在所有基函数字典集 $D$ 中递推式搜索, 所以KMP的计算时间主要取决于字典规模和达到拟合精度所需的迭代次数, 这样以来如果字典规模较大时在一次匹配追踪中要做一次全局搜索, 数次迭代后计算量将会引入惊人的计算量。

## 3 免疫克隆选择核匹配追踪算法

免疫克隆选择算法(ICSA)与遗传算法比较起来, 免疫克隆算法在记忆单元基础上运行, 确保了快速收敛于全局最优解, 而遗传算法则是基于父代群体; 其次, 免疫算法通过促进或抑制抗体的产生, 体现了免疫反应的自我调节功能, 保证了个体的多样性, 而遗传算法只是根据适应度选择父代个体, 并没有对个体多样性进行调节, 这也是免疫策略用于改进传统进化算法的切入点; 这些特点保证了免疫克隆算法能够更快的收敛于全局最优解<sup>[10]</sup>。

标准核匹配追踪算法要求分解过程的每一步都要在函

数字典中做全局搜索以寻找最好的匹配于信号结构的原子, 作为一种智能优化搜索策略, 免疫克隆算法在众多领域都得到了广泛的应用并取得了很好的效果<sup>[11, 12]</sup>。因此, 采用免疫克隆算法在迭代分解的每一步, 通过使用免疫克隆选择机制代替贪婪搜索对时频原子字典进行全局寻优, 时频原子字典即由KMP的权值系数产生的抗体群, 求出最优的权系数, ICSA亲合度函数在为KMP中搜索到的权系数和基函数的线性组合, 值最大即可使得分类器最有效, 如式(1)的形式。在实际的操作过程中, 即用克隆算子代替原进化算法中的变异和选择算子, 以增加种群的多样性<sup>[10]</sup>。克隆算子就是依据抗体与抗原的亲合度函数 $f(\cdot)$ , 将解空间中的一个点 $a_i(k) \in A(k)$ 分裂成了 $q_i$ 个相同的点 $a'_i(k) \in A'(k)$ , 经过相应的克隆变换后获得新的抗体群。具体权系数编码以及免疫匹配追踪更新过程如下。

### 3.1 抗体编码

通过核映射将训练样本映射成为一组基函数字典 $D$ , 确定用来训练分类识别的数据集 $S = \{(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1), \dots, (\mathbf{x}_l, \mathbf{y}_l)\}$ ,  $\mathbf{x}_i \in D$ ,  $\mathbf{y}_i \in \{-1, +1\}$ ,  $i=1, 2, \dots, l$ , 以及核函数 $K$ , 利用给定的矢量 $\mathbf{y}_i$ 和训练数据集中任选 $\mathbf{x}_i$ 求出所有 $\mathbf{y}_{(i)}(\mathbf{x}) = K(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i)$ 。利用 $\min_{\omega_i} \|\mathbf{y} - \omega_i \mathbf{y}_{(i)}(\mathbf{x})\|$ 准则求出 $\omega_i = \mathbf{y}_{(i)}^T(\mathbf{x}) \mathbf{y} / \|\mathbf{y}_{(i)}(\mathbf{x})\|^2$ , 再从中随机取出 $N$ 个 $w_j$ , 采用实数编码, 作为初始抗体群 $\mathbf{W}$ ,  $\mathbf{W} = \{\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_N\}$ , 抗体群为抗体 $\mathbf{W}$ 的 $N$ 元组。由亲合度诱导的抗体随机映射, 抗体群的状态转移情况可以表示成如下的随机过程:

$$C_s: \mathbf{W}(k) \xrightarrow{\text{clone}} \mathbf{W}'(k) \xrightarrow{\text{mutation}} \mathbf{W}''(k) \xrightarrow{\text{compress}} \mathbf{W}(k+1)$$

### 3.2 ICSA-匹配追踪迭代更新

(1)克隆算子设计 $T_c^C$  对每个抗体进行克隆

$$\Theta(\mathbf{W}) = [\Theta(\omega_1) \ \Theta(\omega_2) \ \dots \ \Theta(\omega_n)]^T \quad (2)$$

其中 $\Theta(\omega_i) = \mathbf{I}_i \times \omega_i$   $i=1, 2, \dots, N$ ,  $\mathbf{I}_i$ 为元素值为1的 $q_i$ 维向量,  $q_i$ 为抗体 $\omega_i$ 克隆后的规模, 一般取 $q_i$ :

$$q_i = \text{Int} \left[ N_c \times \frac{f(\omega_i)}{\sum_{j=1}^N f(\omega_j)} \right] \quad i=1, 2, \dots, N \quad (3)$$

$\text{Int}(x)$ 表示大于等于 $x$ 的最小整数, 而 $N_c$ 是与克隆后的规模有关的设定值且满足 $N_c > N$ , 克隆规模是依据抗体亲合度 $f(\omega_i)$ 的大小自适应地调整, 亲合度的计算定义为

$$f(\omega_i) = \sum_{i=1}^N \omega_i K(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i) \quad (4)$$

克隆过后, 种群变为

$$\mathbf{W}' = \{\mathbf{W}, \mathbf{W}'_1, \mathbf{W}'_2, \dots, \mathbf{W}'_N\} \quad (5)$$

其中

$$\mathbf{W}'_i = \{\omega_{i1}, \omega_{i2}, \dots, \omega_{iq_i-1}\}, \omega_{ij} = \omega_i, j=1, 2, \dots, q_i-1 \quad (6)$$

(2)克隆变异算子的设计 $T_m^C$  与一般变异不同的是, 克隆变异为了保留抗体原始种群的信息, 并不作用到 $\mathbf{W} \in \mathbf{W}'$ ,

即

$$p(T_m^C(\omega_i)) = \begin{cases} p_{ij} > 0, & \omega_i \in W'_i \\ 0, & \omega_i \in W \end{cases} \quad (7)$$

依据变异概率  $p_{ij}$  对克隆后的抗体群  $W'_j$  进行变异操作,  $W''_i = T_m^C(W'_i), i = 1 \dots N_c$ , 本文采用高斯变异方法, 变异后的种群为具体可以表示如下:

$$W'' = \{W, W''_1, W''_2, \dots, W''_N\} \quad (8)$$

(c) 免疫选择  $T_s^C \quad \forall i = 1, 2, \dots, N$  若存在变异后抗体  $a = \max\{f(\omega_{ij}) \mid j = 2, 3, \dots, q_i - 1\}$ , 使得  $f(\omega_i) < f(a) \quad \omega_i \in W$

则  $a$  为匹配寻找到的第一个权系数, 对应的  $x_i$  为第一个基函数  $g$ , 更新亲合度函数, 则用  $a$  取代原抗体  $\omega_i$ , 从而更新抗体群, 实现信息交换。

### 3.3 ICSA-KMP 图像目标识别算法流程图

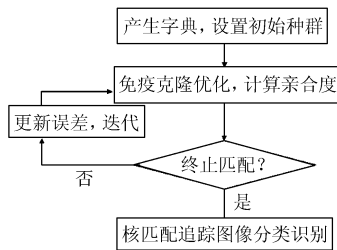


图 1 ICA-KMP 图像识别流程图

### 3.4 ICSA-KMP 算法时间复杂度分析

KMP 算法利用核函数将输入向量从低维空间映射到高维希尔伯特空间中, 通过计算样本间的 Mercer 核函数值来代替样本在高维空间中的向量内积, 并由相应的核函数值生成基函数字典, 为了寻找最优时频原子, 在迭代分解的每一步都要对时频原子字典进行全局搜索, 因而本文主要通过算法在一次匹配中执行的次数, 来计算算法运行所需计算量(其正比于每代运行的最大次数)。

如果字典大小为  $n$ , 迭代次数为  $L$ , 则 KMP 算法的时间复杂度为  $O(L \times n)$ ; 标准遗传算法中种群规模设为  $N$ ,  $N < n$ , 即可以表示为  $N = \alpha n, \alpha \in [0.01, 0.2]$ , GA-KMP 算法的时间复杂度为  $O(L \times N \times \log N)$ ; 免疫克隆算法中克隆规模为  $N_c$ , 因此 ICSA-KMP 算法的时间复杂度为  $O(L \times N_c)$ , 本文算法的克隆规模基本上设置的与 GA-KMP 的种群大体相同<sup>[18]</sup>, 即  $N_c \approx N$ 。

从以上时间复杂度分析可知, 当字典规模较小时 3 种算

法的计算量大致相当, 当字典规模很大时, GA-KMP 与 ICSA-KMP 的计算时间小于标准 KMP 算法, 尤其是字典规模越大, 前两者算法的优越性越明显, GA-KMP 和 ICSA-KMP 两者的时间复杂度在同等函数计算次数的情况下, ICSA-KMP 具有较快的收敛速度。

## 4 有效性验证

本文核匹配追踪算法都采用径向基核  $K(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i) = \exp(-\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_i\|^2/2p)$  作为核函数, 为了验证算法的有效性, 我们将基于免疫克隆的核匹配追踪算法(ICSA-KMP)、基于遗传算法优化 KMP 算法(GA-KMP)和标准的 KMP 算法进行了比较。其中, GA 和 ICSA 均采用实数编码, 为了验证本文算法的性能, 我们选择不同的训练样本集合进行实验, 为了避免随机干扰, 每个实验独立运行 20 次, 所有实验的运行环境为 Pentium IV 3.0Ghz、1GB RAM 以及 Matlab 7.01。

### 实验 1 UCI 数据识别

首先选取公共数据集 UCI 机器学习库中的 waveform、Musk 和 sat 数据集进行测试, 其中 waveform 数据由 21 个特征属性构成, 它是一个三类问题, 在此取原样本的 0 类和 2 类共计 3353 个作为实验样本; Musk 数据由 166 个属性构成, 共有 6598 个样本。Sat 数据集由 35 个属性构成, 共 6000 个样本。

实验参数: 为了便于比较, 该实验分别使用了同文献[13]一样的核函数参数  $\sigma^2$  取值, Waveform 取 128, Musk 取 350, sat 取 8。利用 ICSA 进行优化时, 克隆规模取为初始种群规模的 1.5 倍, 变异概率为 0.9,; 利用 GA 进行优化时, 交叉概率取为 0.67, 变异概率为 0.1。终止条件取为迭代拟合误差  $R$  为 0.01。实验结果如表 1 所示。

从表 1 的结果可以看出, 在正确识别率相当情况下, 本文引入了进化计算后匹配追踪算法的一次搜索时间明显降低, 与 KMP 相比, GA-KMP 搜索时间缩短为 1/2~1/5, ICSA-KMP 搜索时间缩短为 1/4~1/10 倍, 这说明本文提出的算法在克服匹配追踪算法的全局搜索大计算量问题上是有有效的; 另外在搜索时间相当情况下, ICSA-KMP 算法比 GA-KMP 正确识别率略有提高。这是因为遗传算法是在无限迭代下能够找到全局最优解, 然而在有限次数的迭代中未必能找到全局最优解, 而免疫克隆算法将全局寻优与快速局部搜索能力相结合, 能够在有限的迭代情况下最大可能的找到最优解。

表 1 UCI 数据 3 种方法识别结果比较

数据集	KMP			GA-KMP			ICSA-KMP		
	规模	时间(s)	识别率(%)	规模	时间(s)	识别率(%)	规模	时间(s)	识别率(%)
Waveform	1000	0.094	92.56	300	0.047	<b>92.99</b>	300	<b>0.015</b>	91.59
Musk	1700	0.328	<b>88.77</b>	300	0.062	88.16	300	<b>0.031</b>	88.43
Sat	2000	0.64	93.1	600	0.25	93.02	600	<b>0.156</b>	<b>93.13</b>

表 2 含噪数据 3 种方法识别结果比较

数据集	算法	训练规模	基函数个数	一次匹配时间(s)	平均识别率(%)	识别率偏差(%)
双螺旋线	KMP <sup>[13]</sup>	200	56	/	94.87	2.17
	GA-KMP	200	42	0.0377	99.3	2.77
	ICSA-KMP	200	36	<b>0.0367</b>	<b>99.95</b>	<b>1.10</b>
同心球	KMP <sup>[13]</sup>	500	149	/	91.81	1.19
	GA-KMP	500	141	0.2766	95.76	1.08
	ICSA-KMP	500	141	<b>0.2110</b>	<b>96.03</b>	<b>1.05</b>

## 实验 2 大规模含噪数据测试

(1) 双螺旋线的平面坐标形式可以用如下的参数方程来表示

$$\left. \begin{array}{l} \text{spiral-1: } \left. \begin{array}{l} x_1 = (k_1\theta + e_1)\cos(\theta) \\ y_1 = (k_1\theta + e_1)\sin(\theta) \end{array} \right\} \\ \text{spiral-2 } \left. \begin{array}{l} x_2 = (k_2\theta + e_2)\cos(\theta) \\ y_2 = (k_2\theta + e_2)\sin(\theta) \end{array} \right\} \end{array} \right) \quad (10)$$

其中  $k_1, k_2, e_1$  和  $e_2$  都是待定的参数。在本实验中,  $k_1 = k_2 = 4, e_1 = 1, e_2 = 10$ 。共产生样本 12000 个。

(2) 三维空间中线性不可分大规模数据同心球

$$\left\{ \begin{array}{l} x = \rho \sin \varphi \cos \theta \\ y = \rho \sin \varphi \sin \theta, \theta \in U[0, 2\pi], \varphi \in U[0, \pi] \\ z = \rho \cos \varphi \end{array} \right. \quad (11)$$

产生两类样本, 其中第一类样本的参数  $\rho$  服从均匀分布  $U[0, 50]$ , 第二类样本的参数  $\rho$  服从均匀分布  $U[50, 100]$ , 随机产生 20000 个样本数据。采用径向基核函数  $p = 8$ , ICSA-KMP、GA-KMP 取同实验 1 一样的参数, 训练前, 对样本进行加噪处理: 随机选取 20% 的训练样本, 改变它们的类别属性, 然后进行训练。50 次独立实验结果如表 2 所示。

表 2 的结果表明同等训练规模条件下, KMP 算法随机选取部分样本进行训练, 它的性能将会大幅度下降, 而其它两种算法在不丢失 KMP 稀疏性的前提下性能仍能保持较高的正确识别率。

## 实验 3 遥感图像数据测试

核匹配追踪已成功的应用于图像处理等多个方面<sup>[14-16]</sup>, 本实验旨在考察本文方法在遥感目标识别方面的性能, 样本集为遥感目标库中包含不同旋转角度的完全和残缺的二值化飞机目标图像共计 606 幅, 其中包含 6 类型号飞机目标, 舰船 456 幅, 部分待分类图像如图 2 所示。



图 2 飞机以及舰船目标部分示例

实验参数: 实验中每一类随机选择 1/3 的样本作为训练样本, 其余作为测试样本, 采用 Brushlet<sup>[17]</sup>进行特征提取, 核函数参数  $\sigma^2$  取 0.605, 依然采用 3 种方法对其进行识别。ICSA-KMP、GA-KMP 取同实验 1 一样的参数, 实验平均结果如表 3 所示。

从表 3 的结果我们可以得出, KMP 算法当基函数取到 81 个时可达较高的识别率, 而 ICSA-KMP 算法只有 39 个, 这说明后者具有较快的局部搜索能力, 3 种算法在保持相当识别精度下 ICSA-KMP 时间大大缩短。

表 3 不同方法对飞机、舰船目标识别比较

算法	规模	基个数	一次匹配时间(s)	平均识别率(%)
KMP	354	81	0.031	<b>94.84</b>
GA-KMP	100	43	0.016	93.66
ICSA-KMP	100	39	<b>0.008</b>	94.15

## 5 结束语

核匹配追踪算法通过核映射将输入样本映射到高维特征空间实现了非线性问题的处理, 然而仍旧存在一个问题, 训练阶段贪婪求解引入了大量计算, 这将大大影响它的实际应用。理论上核匹配追踪算法是一种稀疏的学习机, 但是采用贪婪算法搜索最优解, 当数据规模很大时算法很难实现最优。本文将免疫克隆算法引入核匹配追踪算法对其搜索过程进行优化, 实现了对 UCI 数据和遥感图像的识别, 实验结果表明相比标准核匹配追踪, 该算法可以明显缩短一次匹配追踪的时间, 从而缩短样本的训练和测试时间, 尤其对于大规模数据字典效果更为明显; 同基于遗传算法优化相比, 本文方法目标识别速度快, 精度高, 此外, 还可以根据实际需要, 自适应的达到时间和分类精度的折衷。

## 参考文献

- [1] Mallat S and Zhang Z. Matching pursuit with time-frequency dictionaries. *IEEE Trans. on Signal Processing*, 1993, 41(12): 3397-3415.
- [2] Bergeau F and Mallat S. Matching pursuit of images. In *Proceeding of IEEE-SP: Philadelphia ed. PA, USA: IEEE Press. 1994: 330-333.*

- [3] Vincent P and Bengio Y. Kernel matching pursuit. *Machine Learning*, 2002, 48(1): 169-191.
- [4] Burges C J C. Geometry and invariance in kernel based method. *Advance in Kernel Method-Support Vector Learning*. Cambridge, MA: MIT Press, 1999: 86-116.
- [5] 高强, 张发启, 孙德明等. 遗传算法降低匹配追踪算法计算量的研究. *振动、测试与诊断*, 2003, 23(3): 165-167.  
Gao Q, Zhang F Q, and Sun D M. Reduction in calculation amount of matching pursuit by gene algorithm. *Journal of Vibration, Measurement & Diagnosis*, 2003, 23(3): 165-167.
- [6] 范虹, 孟庆丰, 张优云. 用混合编码遗传算法实现匹配追踪算法. *西安交通大学学报*, 2005, 39(3): 295-299.  
Fan H, Meng Q F, and Zhang Y Y. Matching pursuit via genetic algorithm based on hybrid coding. *Journal of Xi'an Jiaotong University*, 2005, 39(3): 295-299.
- [7] 李恒建, 尹忠科, 王建英. 基于量子遗传优化算法的图像稀疏分解. *西南交通大学学报*, 2007, 42(1): 19-23.  
Li H J, Yin Z K, and Wang J Y. Image sparse decomposition based on Quantum genetic algorithm. *Journal of Southwest Jiaotong University*, 2007, 42(1): 19-23.
- [8] Adelino R and Silva F D. Atomic decomposition with evolutionary pursuit. *Digital signal Processing*, 2003, 13(2): 317-337.
- [9] 焦李成, 杜海峰. 人工免疫系统进展与展望. *电子学报*, 2003, 31(9): 73-80.  
Jiao L C and Du H F. Development and prospect of artificial immunity system. *Acta Electronica Sinica*, 2003, 31(9): 73-80.
- [10] 焦李成, 杜海峰, 刘芳, 公茂果. 免疫优化计算、学习与识别. 第一版, 北京: 科学出版社, 2006: 92-116.  
Jiao L C, Du H F, and Liu F, *et al.* *Immunity Optimal Computer, Learning and Recognition*. Edition 1, Beijing: Science Press, 2006: 92-116.
- [11] 刘芳, 杨海潮. 参数可调的克隆多播路由算法. *软件学报*, 2005, 16(1): 145-150.  
Liu F and Yang H C. A clone based multicast algorithm with adjustable parameter. *Journal of Software*, 2005, 16(1): 145-150.
- [12] 李阳阳, 焦李成. 求解 SAT 问题的量子免疫克隆算法. *计算机学报*, 2007, 30(2): 176-183.  
Li Y Y and Jiao L C. Quantum-inspired immune clonal algorithm for SAT problem. *Chinese Journal of Computers*, 2007, 30(2): 176-183.
- [13] Jiao L C and Li Q. Kernel Matching Pursuit Classifier Ensemble. *Pattern Recognition*, 2006, 39(4): 587-594.
- [14] 廖斌, 许刚, 王裕国. 基于非抽样小波字典的低速率视频编码. *软件学报*, 2004, 15(2): 221-228.  
Liao B, Xu G, and Wang Y G. Low bit-rate video coding based on undecimated wavelet dictionary. *Journal of Software*, 2004, 15(2): 221-228.
- [15] 刘利雄, 贾云得, 廖斌等. 一种改进的最佳时频原子搜索策略. *中国图像图形学报*, 2004, 9(7): 873-877.  
Liu L X, Jia Y D, and Liao B. An improved searching scheme using optimal time-frequency atoms. *Journal of Image and Graphics*, 2004, 9(7): 873-877.
- [16] Chang S and Carin L. Kernel matching pursuits prioritization of wavelet coefficients for SPIHT image coding. *IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing. Proceedings*. 2004, 3(17): iii-649-652.
- [17] Meyer F G, and Coifman R R. Brushlets: A tool for directional image analysis and image compression. *Applied and Computational Harmonic Analysis*, 1997, 6(4): 147-187.
- 缙水平: 女, 1978年生, 博士生, 讲师, 研究领域为模式识别、图像处理.
- 焦李成: 男, 1959年生, 教授, 博士生导师, 主要研究领域为智能信息处理.
- 张向荣: 女, 1978年生, 博士, 讲师, 研究领域为模式识别、图像处理.