

一种新的人工免疫网络算法及其在复杂数据分类中的应用

刘若辰 钮满春 焦李成

(西安电子科技大学智能感知与图像理解教育部重点实验室 西安 710071)

摘要:作为一种新的智能计算方法,人工免疫网络已被广泛的应用到模式识别以及数据分类中。现有的人工免疫网络分类算法大都存在两个缺陷:一是网络规模庞大、计算复杂;二是对抗原的一次递呈并不能保证获得全局最优分类器。该文提出了一种新的人工免疫网络分类算法,该算法利用每个类别对应单个B细胞的策略,简化网络规模并减少了同类别B细胞之间的抑制操作,同时引入了新的基于对训练样本正确识别率的亲合度评价函数,实现了基于抗原的优先级的选择策略。采用5组UCI的线性数据和4组混合特征数据以及1幅SAR图像对算法的性能进行了全面测试,结果表明,与模糊C均值算法,多值免疫(MVIN)算法和基于分类问题的克隆选择算法(CSA)相比,新算法在分类精度上具有一定的优势,鲁棒性更好。

关键词:人工免疫网络;分类;SAR图像;混合数据

中图分类号: TP18

文献标识码: A

文章编号: 1009-5896(2010)03-0515-07

DOI:10.3724/SP.J.1146.2009.00309

A New Artificial Immune Network Algorithm for Classifying Complex Data

Liu Ruo-chen Niu Man-chun Jiao Li-cheng

(Key Laboratory of Intelligent Perception and Image Understanding of Ministry of Education of China,
Xidian University, Xi'an 710071, China)

Abstract: As a new computational intelligence method, the Artificial Immune Network (AIN) is widely applied to pattern recognition and data classification. Existing artificial immune network algorithms for classifier have two major limitations: one is the scale of the networks, a large scale of networks needs high computation complexity, the other is only once presenting the antigens that can not guarantee find the optimal global classifier. A new Artificial Immune Network Classifier (AINC) algorithm is proposed in this paper. In the proposed algorithm, only one B-cell is used to denote single class in order to reduce the scale of network, and avoid the suppression operation between B-cells, moreover, a new affinity based on the correct rate is proposed to realize the evaluation strategy based on antigen priority. The proposed algorithm is extensively compared with Fuzzy C-Means (FCM), Multiple-Valued Immune Network algorithm (MVIN), and Clonal Selection Algorithm for classifier (CSA) over a test suit of several real life data sets and one SAR image. The result of experiment indicates the superiority of the AINC over FCM, MVIN and CSA on accuracy and robustness.

Key words: Artificial immune network; Classification; SAR image; Heterogeneous data

1 引言

在数据挖掘中,分类(classification)是具有广泛应用领域的最重要的问题之一,典型的分类问题可以定义为根据一个事物本身可以观察到的一些特性把它归类到事先确定的某个组或者某个类别中去。迄今已有大量的分类算法相继被提出,其中包括K近邻算法(KNN)、贝叶斯分类、模糊C均值(FCM)、

决策树方法以及BP神经网络算法等。目前,分类方法被广泛应用到模式识别、机器学习、数据挖掘以及人工智能等领域。

将人工免疫网络模型引入到数据挖掘领域是近年来的研究热点。根据免疫网络理论,研究人员从不同角度模拟生物免疫网络的工作原理来进行数据分析。Hunt 和 Cooke 提出了一种称为 Hunt-cooke 的人工免疫系统网络^[1],并将其应用于 DNA 序列的模式识别。Tang 等人提出了多值免疫网络(Multiple-Valued Immune Network, MVIN)^[2],它的主要思想是用一种多值特征集合的学习机制来模拟 B 细胞和 T 细胞之间的相互反应和调节作用并使用特征集合来分类输入的数据,与一般的人工免疫

2009-03-12 收到, 2009-10-09 改回

国家自然科学基金(60803098, 60703107, 60703108), 国家教育部博士点基金(20070701022)和中国博士后科学基金特别资助项目(2008014260)资助课题

通信作者: 刘若辰 ruocheenliu@yahoo.com.cn

网络模型不同,该模型不仅模拟了 B 细胞而且加入了 T 细胞的辅助和抑制作用。De Castro 提出了 aiNet 模型^[3],aiNet 与 Hunt-cooke 最大的不同在于,aiNet 没有考虑刺激的概念,而只有亲和度的概念,aiNet 的训练过程,一部分由克隆选择驱动,另一部分用抗体的相互作用来移除冗余,以发现数据模式。Timmis 等人提出资源有限的人工免疫系统(Resource Limited Artificial Immune System, RLAIS)^[4],此模型引入了人工识别球(Artificial Recognition Ball, ARB)的概念。RLAIS 利用人工识别球来代表分类细胞,所有的 ARBs 基于它们受激励程度进行竞争。ARB 受激励的程度越高,它就能代表越多的 B 细胞,当某个 ARB 不能代表任何一个 B 细胞时,它将会从网络中删除。RLAIS 能很好地控制种群的规模。Neal 等人在 RLAIS 的基础上提出了自稳定人工免疫系统(Self-Stabilizing Artificial Immune System, SSAIS)^[5],用于时变数据的连续分析。Nasraoui 提出基于 RLAIS 的模糊人工免疫系统^[6],用于聚类、网页特征描述和网络挖掘。

近两年来,人工免疫网络的发展趋势偏向于实际应用以及与其它算法相互结合的混合使用^[7-12]。然而人工免疫网络算法被应用到图像分类领域的并不多。钟燕飞等人在文献^[13,14]中对 Tang 的多值免疫网络进行了改进并将其应用到多光谱遥感影像的分类中。该方法计算复杂度比较低,而且抗体的形成也比较新颖,具有一定的实用价值,然而,由于该方法是直接读取多光谱遥感影像的灰度信息,所以分类精度不是很高而且推广能力不强。基于此,本文提出了一种新的人工免疫网络分类(Artificial Immune Network Classifier, AINC)算法,该算法每个类别采用单个 B 细胞(假设数据要分成 C 类,那么总的分类细胞个数就为 C 个),这样不仅可以避免产生大量的冗余 B 细胞,有效地缩短计算时间。而且省去了同类别 B 细胞之间的抑制操作,有效地降低了网络的复杂度。同时引入了新的适应度评价函数,保证了分类正确率。

2 独特型免疫网络学说

1974 年 Jerne 继 Bernet 的克隆选择学说后提出免疫系统内部调节的独特型(idiotype)和抗独特型(anti-idiotypic)的独特型免疫网络理论^[15]。这一方面的研究工作使他于 1984 年获得诺贝尔奖。独特型免疫网络理论认为在抗原刺激发生之前,机体处于一种相对的免疫稳定状态,当抗原进入机体后打破了这种平衡,导致了特异抗体分子的产生,当达到一定量时将引起抗免疫球蛋白分子独特型的免疫应

答,即抗独特型抗体的产生。因此抗体分子在识别抗原的同时,也能被其抗独特型抗体分子所识别。这一点无论对血流中的抗体分子或是存在于淋巴细胞表面作为抗原受体的免疫球蛋白(Ig)分子都是一样的。在同一动物体内一组抗体分子上独特型决定簇可被另一组抗独特型抗体分子所识别。而一组淋巴细胞表面抗原受体分子亦可被另一组淋巴细胞表面抗独特型抗体分子所识别。这样在体内就形成了淋巴细胞与抗体分子所组成的网络结构。网络学说认为,这种抗独特型抗体的产生在免疫应答调节中起着重要作用。使受抗原刺激增殖的克隆受到抑制,而不至于无休止地进行增殖,藉以维持免疫应答的稳定平衡。本文将基于这一生物免疫学原理提出一种新的免疫网络模型并将其用于复杂数据分类中。

3 本文算法及其关键技术

本节首先详细介绍算法中涉及的关键技术包括数据预处理、网络初始化、抗体亲合度函数、网络增殖机制、超变异以及网络竞争机制,最后给出新算法的流程。

3.1 数据的预处理

对读入的数据,不管是 UCI 上数据集,还是 SAR 图像的纹理特征数据都要对它们进行预处理,预处理的目的是为了使数据的各维特征在算法处理过程中占有相同的比重,这样避免了因为某维数据值过大而导致获得只与该维数据有关的分类结果。数据预处理可依据式(1):

$$E' = \frac{E - \min(E)}{\max(E) - \min(E)} \quad (1)$$

其中 E 代表读入的待处理的数据, $\min(E)$ 和 $\max(E)$ 分别表示某个数据所属列中的最小值和最大值。

3.2 免疫网络的初始化

免疫网络的初始化包括初始 B 细胞群的产生和权值矩阵 W 的产生。取各个类别的训练样本的平均值作为初始 B 细胞;假设待处理的数据集要分成 C 类,那么 W 就是一个 C 阶方阵,即其中 $w_{ij} = \begin{cases} b, & i = j \\ 1, & i \neq j \end{cases}$, $i, j = 1, 2, \dots, n$, b 为事先设定好的值且 $b \geq 1$ 。

3.3 抗体亲合度函数

Leung 等人提出以 B 细胞对训练样本的正确识别率作为亲和度函数^[16],假设待处理的数据要分成 C 类。则第 i 个 B 细胞 B_i ($i \leq C$) 的适应度函数为

$$\text{affinity}(B_i) = \frac{1}{K} \sum_{j=1}^C w_{ij} p_{ij} \quad (2)$$

其中 pr_{ij} 表示对 B_i 第 j 类训练样本的正确识别个数, K 表示所有的训练样本的个数, 本文中在 Leung 等人亲合度函数的方法中作了简单改进, 即

$$\text{affinity}(B_i) = \frac{1}{K + (b-1)K_i} \sum_{j=1}^C w_{ij} pr_{ij} \quad (3)$$

其中 K_i 表示第 i 类训练样本的个数, 改进的目的是为了提高本类别抗原的优先级, 在进化过程中难免会遇到这种情况: 两个克隆变异后的 B 细胞, 对所有抗原的正确识别个数相等, 其中的一个 B 细胞对本类抗原的正确识别个数要多于另一个 B 细胞, 则在操作中遵循本类别抗原优先原则将选择对本类抗原的正确识别个数多的 B 细胞。

3.4 网络增殖机制

本文中的网络节点是由 C 个 B 细胞组成的 B 细胞群 $B=(B_1, B_2, \dots, B_C)$ (C 为分类的类别数), 每个类别只有一个 B 细胞, 如果直接对它进行克隆, 每个克隆体都是一样的, 很难保持 B 细胞群的多样性。因此, 本文采用以下策略。

首先对 B 细胞群体按事先设置好的增殖规模增殖后, 把第 i 个 B 细胞 B_i 增殖群体记为 M_i , 即 $M_i = (M_{i1}, M_{i2}, \dots, M_{ipg})$, $i \leq C$, pg 为网络增殖规模。然后在每次迭代中都对 M_i 进行更新, 把进化后的克隆体中优秀的个体(即亲和度最高的个体)取代 M_i 中原有的亲和度最低的 B 细胞, 这样可以保持 B 细胞群体的多样性。

3.5 超变异

超变异操作发生在克隆操作以后, 克隆后第 i 类 B 细胞池记为 MC_i 。超变异由变异和细胞之间的信息重组两部分组成。细胞之间的信息重组是指 MC_i 中的所有 B 细胞的各维特征值之内发生随机交换。假设 E_n 表示 $MC_i(j)$ 对应的强化抗原或者是与 $MC_i(j)$ 同类别的抗原(当产生的随机数小于等于 p_m 时, E_n 表示强化抗原; 反之, E_n 为表示后者), n 是类别标记, $n=1, 2, \dots, C$, 第 j 个 B 细胞的变异公式如式(4), 式(5)所示。

$$MC_i(j) = MC_i(j) - a(MC_i(j) - E_n(k)) \quad (4)$$

$$a = s \cdot \text{rand} \cdot \|MC_i(j) - E_n(k)\| \cdot p_m \quad (5)$$

其中 p_m 为变异概率, s 为一个自适应参数, $E_n(k)$ 表示一个被选择的强化抗原或者是一个被选择的与 B 细胞同类别的抗原, $k = [\text{rand} \cdot L]$, $[x]$ 表示对 x 下取整, L 表示 E_n 中包含的抗原的个数。

3.6 算法流程

算法的流程图如表 1 所示。

表 1 AINC 的流程图

步骤 1	读取数据, 对数据预处理, 根据分类所需的类别数选择训练样区, 如果分类类别数为 C , 那么就要选取 C 个训练样区;
步骤 2	初始化 B 细胞和权值矩阵 W ;
步骤 3	网络进化过程:
	for $i=1: C$ do
3.1:	计算 B_i 的亲合度值, 选出对应 B_i 的强化训练样本(强化抗原) Ag_{si} , $\text{iteration}=0$;
3.2:	网络增殖, 对 B_i 按增殖规模 pg 进行复制, 生成 B_i 的细胞池 M_i ;
	if $\text{affinity}(B_i)=1$
	then
	$i=i+1$;
	return to 3.1;
	end if
3.3:	按克隆规模 p_{clone} 对 M_i 中的个体按亲和度大小进行克隆, 克隆后的 B 细胞群记为 MC_i ;
3.4:	对 MC_i 进行超变异, 超变异后的种群记为 MC'_i ;
3.5:	对 MC'_i 中的每个 B 细胞计算它的亲和度以及与其对应的强化抗原;
3.6:	选出 MC'_i 中亲和度最高的个体 MC'_{jmax} ;
	if $\text{affinity}(MC'_{jmax}) > \text{affinity}(B_i)$
	then
	用 MC'_{jmax} 替代 B_i , 将对应的强化抗原取代原来的强化抗原(即更新 Ag_{si}), 用 MC'_{jmax} 替换掉 M_i 中亲和度最低的个体, 更新 B 细胞池;
	else if $\text{iteration} < 10$
	$\text{iteration} = \text{iteration} + 1$;
	return to 3.3;
	end if
	if $\text{affinity}(B_i)=1$ or $\text{iteration}=10$
	then
	$i=i+1$;
	return to 3.1;
	end if
	end for
步骤 4	输出网络, 进行分类。

4 实验结果与分析

本节首先采用了 5 组 UCI 的线性数据和 1 幅 SAR 图像, 对本文提出算法的有效性进行了全面测试, 并将其与模糊 C 均值算法(FCM), 基于分类问题的克隆选择算法(CSA)^[17]以及多值免疫网络算法(MVIN)^[13]性能进行了综合比较; 另外, 采用 4 组混合特征数据测试提出的算法对混合特征数据的分类性能。

各算法参数设置如下:

本文算法(AINC): 变异概率 $p_m=0.5$, 克隆规模 $p_{clone}=10$, 网络的增殖规模 $pg=10$, 最大迭代次数为 500, b 为本类别 B 细胞在亲和度函数中所在比重(其他类别的为 1), b 的取值范围为 1.1~1.3。

CSA: 本文 CSA 采用实数编码, 变异概率 $p_m=0.5$, 克隆规模 $p_{clone}=10$, 初始抗体数目等于训练样本数目, 最大迭代次数为 500。由于本文算法的个体克隆数目是与亲和度值有关的, 亲和度值越低, 克隆的数目越少, 所以每次克隆体的实际数目为 55 个, 要小于文献[17]中 CSA 的克隆数目。

MVIN: 采用实数编码, 每个类别只有一个记忆细胞, 初始记忆细胞从每个类别的训练样本中随机选取, 耐受值取 0.03。

FCM: 初始聚类中心对 FCM 的聚类结果有很大的影响, 在本文中从各个训练样区中随机选择一个样本作为它的初始聚类中心。

4.1 线性标准数据测试与结果

线性标准测试数据的属性如表 2 所示, 其中数据 cancer 中有 16 组数据部分数据缺失, 暂不对它们进行处理, 所以实际应用于分类的数据为 683 个。

表 2 测试数据属性

数据	数据维数	类别	样本个数	实际用于分类的个数
Cancer	9	2	699	683
Diabetes	8	2	768	768
Ionosphere	34	2	351	351
Iris	4	3	150	150
Wine	13	3	178	178

FCM, CSA, MVIN 及 AINC 的分类精度是采用 10 倍交叉比对技术对每组数据独立的运行 10 次, 统计平均分类精度及其标准差, 以及 4 种算法运行一次所需要的时间(单位为 s), 结果如表 3 所示。

由表 3 可以看出: 在分类精度上, 本文算法除了在 wine 数据集上比 CSA 稍低一点外, 对于其他 4 组数据集, 本文分类精度都有明显的提高, 其中,

对 Iris 数据集, AINC 的分类结果要比其他 3 个算法中分类最好的 CSA 提高了 4.4%; 对 cancer 数据集, 在 CSA, MVIN 和 FCM 中分类结果最好的仍然是 CSA, AINC 在平均分类精度上比克隆选择算法提高了 2.7%; 对 diabetes 和 ionosphere 数据集, MVIN 和 FCM 的分类结果已经很不理想了, 它们的平均分类精度只能达到 60%左右, 而本文算法可以达到 75%和 83.4%, 分别比 CSA 提高了 3.3%和 8.7%。在标准差上可以看出, 本文算法的稳定性要优于 MVIN 和 FCM, 然而要低于 CSA。在高维数据 (ionosphere) 的分类中本文算法的稳定行要比 CSA 好。另外, 就算法的收敛速度而言, MVIN 算法的收敛速度最快, FCM 次之, 而 AINC 在大部分数据上的收敛速度都要比 CSA 好。

4.2 SAR 图像分类与结果分析

由于基于灰度共生矩阵的统计量在纹理特征分析中表现出良好的特性, 本文处理对 SAR 图像的提取的是基于灰度共生矩阵的纹理特征。特征提取的步骤如下所示: (1)对图像中的每个像素点提取它的灰度共生矩阵。(2)计算它们的纹理特征值, 这里的纹理选择为角二阶距(能量)、对比度和熵^[18]。

图像选取瑞士一湖区的 X 波段 SAR 子图像, 图像大小为 140×155 , 如图 1(a)所示。其中包含 3 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, 每个样区各取 100 个。测试样本的选择为湖泊 225, 城区 121, 山地 300 个。图 1(b), 1(c), 1(d), 1(e)分别为本文算法, CSA, MVIN 和 FCM 的分类结果。

从图 1 可以看出, 相比较其他 3 种算法, 本文算法在对山地的分类中要优于其他 3 种算法, 其他 3 种算法把更多的原本属于山地的像素错分给了城区, 除此之外这 4 种方法都把部分原本属于山地的像素错分给了湖泊, 它们对湖泊和城区基本上都能

表 3 各算法的运行结果

分类算法		Iris	wine	cancer	diabetes	ionosphere
AINC	精度(标准差)	97.1%(1.3)	96.0%(2.1)	97.3%(1.6)	75.0%(6.1)	83.4%(3.0)
	运行时间(s)	21	32.5	110.8	87.9	61.1
CSA	精度(标准差)	92.7%(0.6)	96.6%(0.6)	94.6%(0.5)	71.7%(2.2)	74.7%(4.2)
	运行时间(s)	2.8	35.9	75.1	98.3	188.7
MVIN	精度(标准差)	86.7%(3.6)	92.4%(4.6)	91.9%(11.9)	59.8%(23.9)	61.5%(16.4)
	运行时间(s)	0.3	0.3	1.6	1.9	1.9
FCM	精度(标准差)	92.1%(4.3)	91.4%(5.3)	94.5%(0.79)	58.3%(28.3)	57.2%(18.0)
	运行时间(s)	1.8	2.6	1.5	4.5	19.4

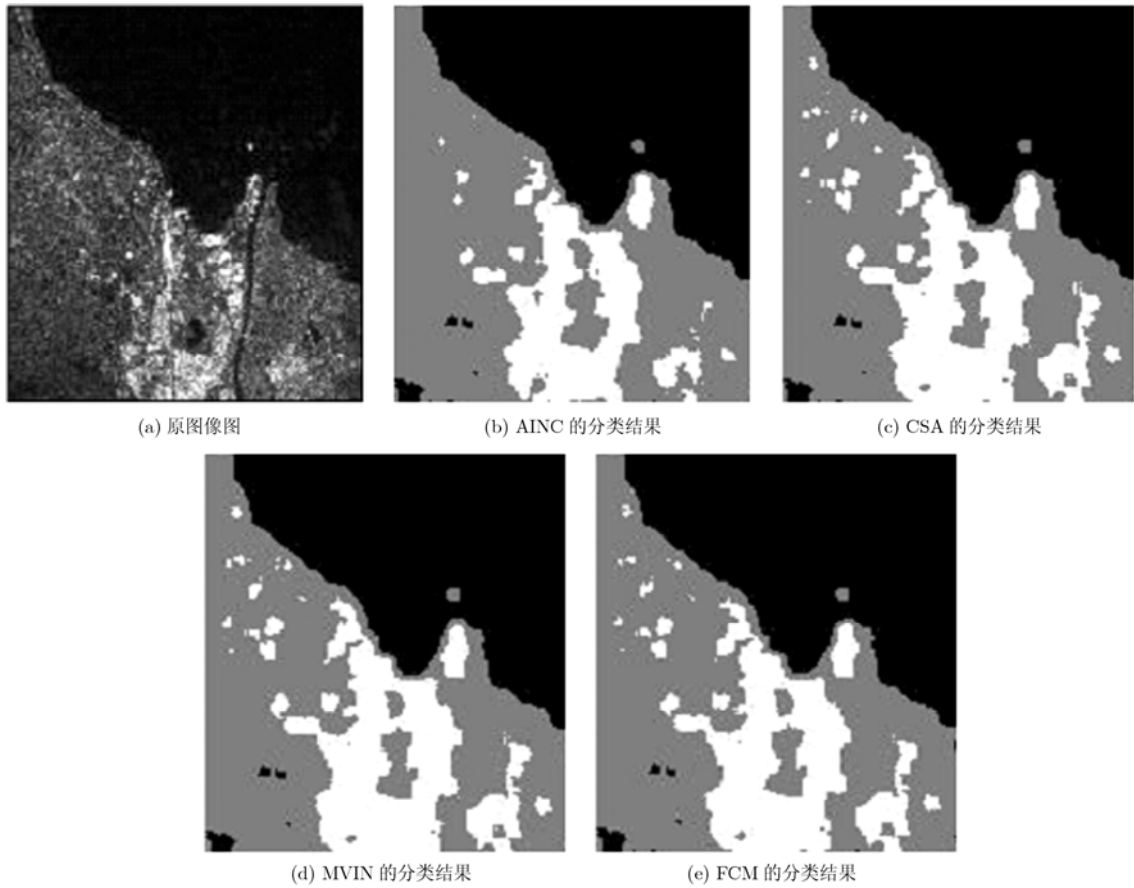


图 1

实现正确的分类。

从表 4 的混淆矩阵上也可以看出这一点。在平均分类精度上(表 5), AINC 较 CSA, MVIN 和 FCM 分别提高了 1.4%, 1.2%和 0.1%; kappa(表 5)系数上 AINC 较其他 3 种算法都有一定程度的改进, 分别提高了 0.0339、0.0195 和 0.0024。

表 4 4 种算法的混淆矩阵比较

算法		湖泊	城区	山地	总数
AINC	湖泊	223	0	2	225
	城区	0	120	0	120
	山地	2	1	298	301
	总数	225	121	300	641
CSA	湖泊	224	0	0	224
	城区	0	121	13	134
	山地	1	0	287	288
	总数	225	121	300	632
MVIN	湖泊	224	0	0	224
	城区	0	121	12	133
	山地	1	0	288	289
	总数	225	121	300	633
FCM	湖泊	225	0	0	225
	城区	0	121	6	127
	山地	0	0	294	294
	总数	225	121	300	640

表 5 4 种分类方法的平均分类精度和 kappa 系数的比较

精度	AINC	CSA	MVIN	FCM
平均分类精度	99.2%	97.8%	98%	99.1%
Kappa 系数	0.9877	0.9538	0.9682	0.9853

4.3 混合特征数据测试与结果分析

本文中处理的 4 组混合特征数据同样来自 UCI, 它们分别是 Australian Credit(AC), German Credit(GC), Hepatitis(HP) 和 Cleveland Heart Disease(CHD)。它们的基本特征如表 6 所示。

这 4 组数据中有两组数据有部分特征值缺失:

表 6 混合特征数据

数据	数据规模	连续属性	离散属性	象征性属性	类别数	缺失特征
AC	690	6	0	9	2	37
GC	1000	7	2	11	2	0
HP	155	6	0	13	2	75
CHD	303	2	3	8	2	0

Hepatitis 有 75 个数据中的一个或多个特征值缺失; Australian Credit 有 37 个数据中的一个或多个特征值缺失。对缺失特征的处理方式为: 只要两个特征中的一个缺失, 那么这两个特征间的距离就为 1。

由于传统的模糊 C 均值算法和 MVIN 无法解决混合数据的分类问题, 所以在混合数据分类时, 本文算法与下面 5 种更具有竞争力的免疫算法做了比较实验。这 5 种免疫算法分别为: AIRS1, AIRS2, AIRS2p, IMMUNOS1^[19]和 CSA。5 组算法的分类精度都是通过调用 WEKA toolbox 得到的。结果如表 7 所示。

表 7 混合特征数据分类结果(%)

算法	AC	GC	HP	CHD
本文算法	86	72	84	82
AIRS1	80	67	83	82
AIRS2	83	71	84	82
AIRS2p	81	71	85	80
IMMUNOS1	85	68	80	86
CSA	63	70	75	71

由表 7 可以看出, 与其他免疫算法相比本文算法在 AC 和 GC 的分类中取得了最佳的分类结果, 而在 HP 和 CHD 的分类中也取得了比较理想的分类结果。

5 结束语

基于生物免疫网络理论, 本文提出了一种新的人工免疫网络分类算法并将其应用到标准数据集以及 SAR 图像的分类中, 与基于分类问题的克隆选择算法(CSA)、多值免疫网络算法(MVIN)和模糊 C 均值算法(FCM)中的最佳分类结果相比, 新算法在分类精度上有所改善。本文提出的算法的每个类别采用单个 B 细胞能使算法快速收敛, 然而处理复杂的分类问题, 每个类别采用单个 B 细胞是不够的, 进一步的研究将致力于建立适合求解复杂问题的网络结构, 进而提高算法的分类精度。

参 考 文 献

- [1] Hunt J E and Cooke D E. Learning using an artificial immune system [J]. *Journal of Network and Computer Applications*, 1996, 19(2): 189-212.
- [2] Tang Z, Yamaguchi T, and Tashima K, *et al.* Multiple-valued immune network model and its simulations[C]. Proceedings of the 27th International Symposium on Multiple-valued logic, Autigonish, Canada, May 28-30, 1997: 233-238.
- [3] De Castro L N. An evolutionary immune network for data clustering [C]. VI Brazilian Symposium on Neural Networks (SBRN'00), Brazil, Jan. 22-25, 2000: 84-89.
- [4] Timmis J and Neal M. A resource limited artificial immune system for data analysis [J]. *Knowledge Based Systems*, 2001, 14(3/4): 121-130.
- [5] Neal M. An artificial immune system for continuous analysis of time-varying data[C]. Proceedings of the 1st International Conference on Artificial Immune Systems Canterbury, Canterbury, UK, Sep. 9-11, 2002: 76-85.
- [6] Nasaroui O, Gonzalez F, and Dasgupta D. The fuzzy artificial immune system: Motivations, basic concepts, and application to clustering and web profiling[C]. Proceedings of the IEEE World Congress on Computational Intelligence, Honolulu, Hawaii, May 12-17, 2002: 711-716.
- [7] Xiong Hao and Sun Cai-xin. Artificial immune network classification algorithm for fault diagnosis of power transformer [J]. *IEEE Transactions on Power Delivery*, 2007, 22(2): 930-935.
- [8] Gu Dan-zhen, Ai Qian, and Chen Chen. The application of artificial immune network in load classification[C]. DRPT2008, Nanjing, China, April 6-9 2008: 1394-1398.
- [9] Li Chao and Hu Xiao-guang. Classification of mechanical conditions for HVCBs based on artificial immune network[C]. the 3rd IEEE on Industrial Electronics and Applications (ICIEA2008), Singapore, June 3-5, 2008: 2373-2377.
- [10] Li Zhong-hua, Zhang Yu-nong, and Tan Hong-zhou. An efficient artificial immune network with elite-learning[C]. IEEE Third International Conference on Natural computation, Haikou, China, Aug. 24-27, 2007, 4: 213-217.
- [11] Li Liu and Xu Wen-bo. A cooperative artificial immune network with particle swarm behavior for multimodal function optimization. Evolutionary Computation[C]. IEEE World Congress on Computational Intelligence. Washington, DC. July 22-24, 2008, 6: 1550-1555.
- [12] Fu Jian, Li Zhong-hua, and Tan Hong-zhou. A hybrid artificial immune network with swarm learning [C]. International Conference on Communications, Circuits and Systems, Kokura, Japan, July 11-13, 2007: 910-914.
- [13] 钟燕飞, 张良培, 李平湘. 基于多值免疫网络的多光谱遥感影像分类[J]. *计算机学报*, 2007, 30(12): 2181-2188.
- [13] Zhong Yan-fei, Zhang Liang-pei and Li Ping-xiang. Classification of multi-Spectral remote sensing image based on multiple-valued immune network [J]. *Chinese Journal of Computers*, 2007, 30(12): 2181-2188.
- [14] Zhong Yang-fei, Zhang Liang-pei, and Gong Jian-ya, *et al.* A supervised artificial immune classifier for remote-sensing imagery [J]. *IEEE Transactions on Geosciences and Remote Sensing*, 2007, 45(12): 3957-3966.
- [15] Jerne N K. Towards a network theory of the immune system

- [J]. *Ann. Immunol. (Inst. Pasteur)* 1974, 125C: 373-389.
- [16] Leung K, Cheong F, and Cheong C. Generating compact classifier systems using a simple artificial immune system [J]. *IEEE Transactions on System, Man and Cybernetics, Part B*, 2007, 10(5): 1344-1356.
- [17] Du Hai-feng, Jiao Li-cheng, and Wang Sun-an. Clonal operator and antibody clone algorithms[C]. *Proceedings of the First International Conference on Machine Learning and Cybernetics*, Beijing, 2002: 506-510.
- [18] Clausi D A and Yue B. Comparing concurrence probabilities and Markov fields for texture analysis of SAR sea ice image [J]. *IEEE Transactions on Geosciences and Remote Sensing*, 2004, 42(1): 215-228.
- [19] Mazidah puteh FTMSK, and Khairuddin Omar FTSM. Classifying heterogeneous data with artificial immune system[C]. *International Symposium Information Technology*, Shanghai, China, Dec. 21-22, 2008, 3: 1-5.
- 刘若辰: 女, 1974 年生, 博士, 副教授, 研究领域为免疫计算和数据挖掘.
- 钮满春: 男, 1984 年生, 硕士生, 研究领域为免疫计算和数据挖掘.
- 焦李成: 男, 1959 年生, 教授, 博士生导师, 研究领域为进化计算、模式识别、神经网络、子波理论、数据挖掘.