

## 基于非线性核空间映射与人工免疫网络的高光谱遥感图像分类

陈善静<sup>1,2,3</sup>, 胡以华<sup>1,2\*</sup>, 孙杜娟<sup>1,2</sup>, 徐世龙<sup>1,2</sup>

(1. 电子工程学院 脉冲功率激光技术国家重点实验室, 安徽 合肥 230037;  
2. 电子制约技术安徽省重点实验室, 安徽 合肥 230037;  
3. 电子工程学院航天系, 安徽 合肥 230037)

**摘要:**提出了一种基于非线性核空间映射人工免疫网络的高光谱遥感图像分类算法。根据生物免疫网络基本原理构建了人工免疫网络模型,利用非线性核函数将高光谱训练样本映射到高维空间,完善了人工免疫网络中目标样本核空间相似性分选方法,降低了人工免疫网络识别样本所需的抗体数量,提升了算法的分类精度和运算效率。为了验证算法的有效性,利用两组高光谱遥感数据将多种高光谱分类方法进行了对比实验。实验表明该算法分类精度和算法运算时间上都有较大改善,是一种分类精度更高、运算速度更快的改进型基于人工免疫网络的高光谱遥感图像分类新方法。

**关 键 词:**高光谱图像;人工免疫网络;抗体;非线性映射;核空间

中图分类号:TP751 文献标识码:A

### Classification of hyperspectral remote sensing image based on nonlinear kernel mapping and artificial immune network

CHEN Shan-Jing<sup>1,2,3</sup>, HU Yi-Hua<sup>1,2\*</sup>, SUN Du-Juan<sup>1,2</sup>, XU Shi-Long<sup>1,2</sup>

(1. State Key Laboratory of Pulsed Power Laser Technology Electronic Engineering Institute, Hefei 230037, China;  
2. Anhui Province Key Laboratory of Electronic Restriction, Hefei 230037, China;  
3. Department of astronautics Electronic Engineering Institute, Hefei 230037, China)

**Abstract:** A novel classification algorithm of hyperspectral remote sensing image based on nonlinear kernel mapping artificial immune network was proposed. An artificial immune network model was constructed according to natural immune network theory. The training samples of hyperspectral imagery are projected to high feature space with nonlinear kernel function, which improved the sorting method based on similarity in kernel space in artificial immune network. The number of antibodies which are used to recognize training samples is reduced, and the accuracy and efficiency of the algorithm are enhanced. To evaluate the advantage of the proposed algorithm, some other kinds of hyperspectral image classification algorithms were compared with it in the experiment using two hyperspectral image data. Experimental results demonstrated that the proposed algorithm, which acquires higher accuracy and computing speed than traditional hyperspectral image classification algorithms, is a new improved classification algorithm of hyperspectral remote sensing image based on artificial immune network.

**Key words:** hyperspectral imagery, artificial immune network, antibody, nonlinear mapping, kernel space

**PACS:** 42.30. Va, 07.07. Df

## 引言

高光谱图像分类已成为现代遥感技术发展的重要研究方向。高光谱图像分类主要是根据目标光谱维特征对图像进行识别与分类。在地质勘查、农业监测、环境灾害评估以及军事侦察等方面高光谱图像分类都有广泛应用。近年来随着高光谱遥感的飞速发展<sup>[1]</sup>,许多优秀的高光谱图像分类算法也开始成为广大学者研究的重点,例如:文献[2]中通过抑制特征空间附加因子提升了光谱角制图算法(SAM)分类识别精度;文献[3]中通过以单一矿物为样本训练约束能量最小化分类器(CEM)并对分类结果进行数学形态学和随机EM处理实现了对多光谱图像中各种矿物的分类;文献[4]中通过K-means聚类初始化训练样本,并对训练得到的支持向量进行边缘检测提高了基于支持向量机(SVM)的高光谱图像分类算法的检测精度;文献[5]中利用一阶马尔可夫模型对纯目标样本进行转移变换,丰富了训练样本数量,再以变换后的样本来训练基于支持向量描述(SVDD)的高光谱图像分类器,克服了高光谱图像分类时训练目标样本过少,造成局部过早收敛的问题。

随着仿生学的不断发展,科研人员通过模拟生物免疫系统(IS)的工作原理提出了人工免疫网络(AIN)<sup>[6]</sup>。人工免疫网络是一种智能计算方法,具有类似生物免疫系统的分布式、鲁棒性、自组织、记忆与学习等特点<sup>[7-9]</sup>。人工免疫网络在模式识别、机器学习、数据挖掘、人工智能和高光谱目标分类领域等领域有着广泛的应用<sup>[10-14]</sup>。文献[15]提出了一种自适应人工免疫网络算法,算法在不需人工输入参数的情况下根据即可实现对图像分类识别。文献[16]提出了一种基于分类模型的改进型最优化人工免疫网络算法,此算法在最优样本保留、变异率自适应调整及欧氏距离与光谱夹角相结合等三个方面对人工免疫网络进行了改进,取得了较好的分类效果。

## 1 人工免疫网络非线性核空间映射必要性分析

在高光谱遥感中,感兴趣区域ROI的目标,如水体、植被、人工建筑物和荒漠等在对其进行遥感成像时由于受到不同的光照影响,得到的对应的目标光谱往往以多种状态存在,光谱维空间中呈现出相当大的统计可变性。如图1所示,X,Y两类目标在二维光谱空间 $\alpha\beta$ 中呈聚类分布。文献[15]将人工

免疫网络应用到了遥感图像监督分类中,取得了一定的效果。其基本原理如图2所示,人工免疫网络生成的抗体分别对各自抗体识别半径内的样本进行识别,最终完成对整个样本空间的覆盖。但此方法在人工免疫网络训练抗体以及后期分类识别样本中都只在光谱空间进行内积运算 $x^T y$ ,对于线性可分光谱内积运算能较好地选择目标,而对于非线性的可分光谱人工免疫网络虽然也能进行目标分类,但通过内积运算获得的抗体识别精度较低,并且需要生成更多的抗体来对目标进行识别,算法整体效率不高(见后续实验图7、图14、图15和表4)。

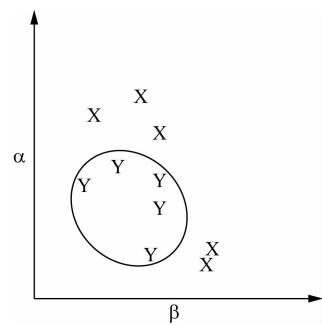


图1 目标二维光谱空间分布情况  
Fig. 1 Distribution of targets in the spectra space with two dimensions

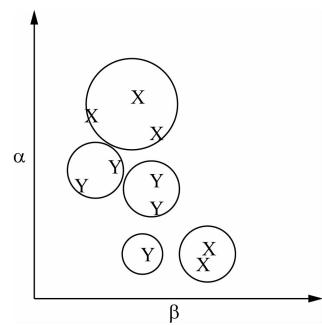


图2 人工免疫网络分类识别结果  
Fig. 2 Classification result of the AIN

本文借鉴Vapnik等人的“核技巧”(Kernel trick),通过引入核函数代替内积<sup>[17]</sup>,其基本原理是:在非线性可分的情况下,使用一个非线性变换函数将输入模式空间S中的样本映射到高维特征空间H中,即 $S \rightarrow H$ ,在H中基于某种准则构建新的分类器,达到线性可分的目的。不必明确知道非线性变换的具体表达式,只要用核函数 $K(x, y) = \Psi(x)\Psi(y)$ 替代内积运算即可,如图3核空间映射后样本空间分布所示。从图中可以看出,正如与SVM中核空间映射相似的效果,通过核空间映射后数据样本在高维空间呈线

性分布,分类算法可以更加容易地找到最优分类面。对于人工免疫网络算法,核映射后的高维空间中,对样本的识别所需的抗体数量更少,对各个样本的识别精度更高(见后续实验图 15 和表 4)。

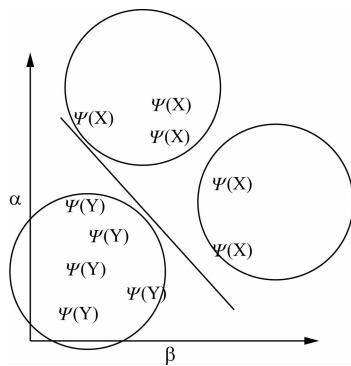


图 3 核空间映射后样本空间分布  
Fig. 3 Distribution of targets after kernel mapping

## 2 人工免疫网络建模与核空间映射

### 2.1 生物免疫网络原理

当外来细菌、病毒(即,通常所称的抗原 ag)入侵机体组织时免疫系统中的 B 细胞或者 B 淋巴细胞开始分泌抗体对其进行免疫,其基本原理<sup>[18-20]</sup>如下:当抗原出现时,B 细胞首先识别抗原中与其自身亲和度最高的抗原,这些识别了抗原的 B 细胞开始进行克隆繁殖,在克隆繁殖过程中,由于受到各种抗原的刺激,新生 B 细胞开始产生变异,最后经过多代繁殖和变异后,B 细胞趋于成熟,转化为最终的抗体——血浆细胞。生成的最终抗体不仅与抗原之间存在亲和识别作用,抗体与抗体间也存在一定相互识别作用。这些稳定下来的抗体群转化为记忆抗体群。实现了对整个抗原空间所有抗原的识别。本文将利用此免疫网络原理实现对高光谱遥感图像分类。

### 2.2 人工免疫网络基本要素建模

人工免疫网络主要由抗原、抗体和变异抗原组成,本文对抗原、抗体和变异抗原按表 1、表 2 和表 3 结构体进行建模:

表 1 抗原模型结构表

Table 1 Antigen models

抗原模型结构:

ag. num: 抗原序号 1 … n

r: 抗原识别标签

c: 抗原所属类

V: 抗原光谱 DN 值

表 2 抗原和抗体模型结构表

Table 2 Antibody models

抗体模型结构:

ab. num: 抗体序号 1 … n

c: 抗体大类号

cc: 抗体小类号

W: 抗体中心光谱 DN 值

$\sigma$ : 抗体识别半径

表 3 变异抗原模型

Table 3 Models of mutated antigen

mu. num: 变异抗原序号 1 … n<sub>B</sub>

c: 变异抗原大类号

cc: 变异抗原小类号

V: 变异抗原光谱 DN 值

W: 变异抗原中心光谱 DN 值

$\sigma$ : 变异抗原识别半径

m: 变异抗原识别数

对其中相关参数和概念做如下说明:抗原所属类 ag. c 和抗体大类号 ab. c 代表抗原和抗体所属的光谱种类 c,抗体小类号 ab. cc 为同一大类光谱中不同小类的编号,ag. V = {ag. v<sub>1</sub>, ag. v<sub>2</sub>, ……, ag. v<sub>N<sub>b</sub></sub>} 为抗原光谱,ab. W = {ab. w<sub>1</sub>, ab. w<sub>2</sub>, ……, ab. w<sub>N<sub>b</sub></sub>} 为抗体中心光谱向量,N<sub>b</sub> 为高光谱图像波段数。在高光谱遥感图像分类中,W 决定了抗体 ab 的光谱空间位置, $\sigma$  决定了抗体 ab 识别范围。为了区分抗原是否已经被抗体识别,避免重复识别情况发生,在抗原模型中引入识别标签 ag. r:

$$\begin{aligned} ag. r &= f(ag. V, ab. W) \\ &= \begin{cases} 1, & T = K(ag. V, ab. W) - ab. \sigma > 0 \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases}, \quad (1) \end{aligned}$$

其中,K 为核函数(在 2.3 节中将详细介绍)。K(ag. V, ab. W) -  $\sigma$  > 0 表示抗原 ag 在抗体 ab 的识别半径内,即抗原 ag 被抗体 ab 所识别,抗原识别标签 ag. r = 1,反之,ag. r = 0.

### 2.3 核空间映射

本文通过核函数 K(x, y) 将抗原光谱映射到高维空间,在高维空间对抗原光谱相似比较,完善了免疫网络中训练抗体和分类识别抗体的方法,克服了非线性光谱造成的线性不可分问题。

目前,几种常见的核函数有

(1)多项式核函数:

$$K(x, y) = (x^T y + 1)^d, \quad (2)$$

其中,d 为多项式核函数的阶数。

(2)径向基核函数 RBF:

$$K_r(x, y) = \exp\left(-\frac{\|x - y\|^2}{r^2}\right), \quad (3)$$

其中,  $r$  是为控制半径.

(3) 神经网络核函数:

$$K(x, y) = \frac{1}{1 + \exp(\nu x^T y - a)} , \quad (4)$$

其中,  $\nu$  和  $a$  均为常数.

### 3 人工免疫网络训练与高光谱图像分类

实现人工免疫网络对高光谱图像分类需要包括一下三个步骤:

- (1) 样本选择及人工免疫网络初始化;
- (2) 人工免疫网络训练;
- (3) 目标分类.

#### 3.1 样本选择与人工免疫网络初始化

将高光谱图像中若干个已知类别比较明确的区域设为 ROI, 形成训练样本  $AG$  (抗原), 其中,  $ag$  为单个抗原,  $ag \in AG$ . 对属于同类 ROI 的抗原进行类编号  $ag.c \equiv c \in C = \{1, 2, \dots, n_c\}$ ,  $n_c$  为选择的 ROI 中包含的抗原总类数. 对所有抗原  $ag.V$  在光谱维上归一化, 并将其识别标签  $ag.r$  设为 0.

#### 3.2 人工免疫网络训练

完成抗原选择和初始化后, 人工免疫网络开始利用抗原训练生成抗体. 对于任意  $c$  类抗原  $AG_c$ , 按一下六个步骤循环直到生成的抗体  $AB_c$  能识别所有抗原  $AG_c$ , 其训练流程图如图 4 所示, 具体过程参见文献[15]:

#### 3.3 高光谱图像分类

人工免疫网络训练结束后开始进入目标分类阶段. 此时输入免疫网络的抗原光谱  $ag.V$  为高光谱图像中未知种类像素点归一化后的光谱; 抗原种类  $ag.c = 0$ ; 抗原识别标签  $ag.r = 0$ . 免疫系统首先检查抗原是否被识别, 如果未被识别, 根据公式(1)利用  $AB_c$  中的抗体  $ab$  对抗原进行识别, 其中,  $T = K(ab.W, ag.V) - ab.\sigma$ . 如果抗体能识别抗原, 则  $ag.c = ab.c$ , 修改识别标签  $ag.r = 1$ . 如果抗体  $ab$  不能识别抗原, 则利用下一个抗体对抗原  $ag$  进行识别, 直到抗体完成识别为止. 当所有抗原都经过人工免疫系统识别分类后, 人工免疫网络输出高光谱图像的各个像素点的分类情况.

## 4 实验与分析

为了验证本文提出算法的改进效果, 利用多种高光谱图像分类算法进行了对比实验. 通过 Matlab 编程实现了本文提出的基于核空间人工免疫网络的高光谱图像分类算法 (K-AIN)、未改进的基于内积

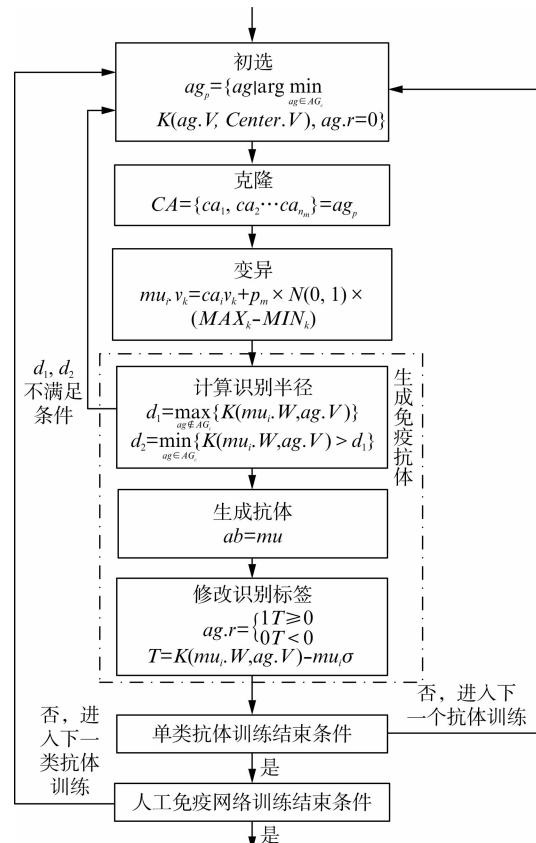


图 4 人工免疫网络训练流程图

Fig. 4 Flow chart of AIN training

运算的人工免疫网络的高光谱图像分类算法<sup>[15]</sup> (AIN)、光谱角制图算法<sup>[2]</sup> (SAM)、约束能量最小化分类器<sup>[3]</sup> (CEM)、基于支持向量机高光谱图像分类算法<sup>[4]</sup> (SVM) 和基于支持向量数据描述高光谱图像分类算法<sup>[5]</sup> (SVDD). 本文利用两幅高光谱图像将六种算法进行了对比实验. 算法运行环境为: Windows XP, CPU 主频 2.5 GHz, 内存 2 G.

#### 4.1 实验一

实验一所用数据为中国科学院空间科学与应用研究总体部提供的 2002 年 7 月 27 日神舟 3 号中分辨率光谱仪 (CMODIS) 扫描的青海湖地区的遥感图像 (正样), 图像覆盖可见光到远红的 34 个波段.

图 5 为遥感数据分类实验中训练样本图像分布图 (红色为水体, 绿色为植被, 蓝色为荒地, 三类目标样本各 121 个构成训练样本集). 以训练样本集用以训练 SVM、SVDD、AIN 和 K-AIN 分类器. 分类器选择 RBF 核为核函数,  $r = 0.8$ , AIN 变异概率  $p_m = 0.15$ . 图 6 为检验样本分布图, 在图像中标定水体区域像素 3 896 个, 绿色植被区域像素 545, 荒地或者沙地区域像素 2 287 个为检验样本. 利用检验样

本验证各个分类器分类结果既可得到分类精度表(见表4)。

图7、图8和图9分别为本文算法(K-AIN)对水体区域、植被区域和荒地或沙地区域的分类结果图,图中白色像素点为算法检测到的对应类目标。图10~14分别为SAM、CEM、SVM、SVDD和AIN算法对水体区域分类结果图,对其它类目标相关分类情况见表4。

结合分类结果图和分类结果比较表可以看出:六种高光谱图像分类算法对三类目标进行分类时水体区域的分类精度最高,而对荒地或沙地的分类精度较低;SAM算法对水体分类效果较好,但对荒地的分类精度较低;CEM算法基本能覆盖水体区域像素,但算法对噪声较敏感,许多噪声较大像素点被错误地分类;图12为SVM算法对水体区域的分类结果,结合表4可知,SVM算法对三类目标分类较为稳定,但SVM对训练样本要求较高,一般难以找到种类齐全且数量足够的样本来训练分类器并且SVM算法主要应用于二分类问题,通过寻找两类样本之间的最大分类间隔来实现目标分类,对于多分类问题,分类效果并不理想,因此在分类结果图中出现了一些因错误分类而产生的噪声点;SVDD也是一种基于支持向量的分类方法,此算法总体分类精度不高,湖面边缘浅水区域像素丢失较为严重,这主要是由于SVDD算法分类时只利用单类目标样本,没有负样本支持,对变化较大的同类目标分类效果并不理想。

AIN算法和本文K-AIN算法都是以经过人工

免疫网络训练获得的抗体来对图像像素进行分类识别。通过对比图7、图14和表4可以看出,通过核空间映射后的人工免疫网络在分类识别的总体精度、Kappa系数和算法运算时间等方面都优于未改进的基于内积的人工免疫网络算法。在图14中由于AIN算法使用光谱夹角进行相似性测量,未进行核空间映射,部分像素点被抗体错误地识别为同类目标,因此在图中产生了较多的噪声点。而在图7中K-AIN算法将高光谱数据进行核空间映射变换较好地抑制了此类噪声点,提高了算法分类精度。

人工免疫网络通过抗体对图像进行识别和分类。训练后得到的免疫抗体主要由两部分重要参数构成:抗体中心光谱 $ab.W$ 和抗体识别半径 $ab.\sigma$ ,如图15和图16所示。

图15为AIN算法和K-AIN算法训练获得的水体类抗体中心光谱 $ab.W$ 光谱分布情况,图15(a)中的36条曲线和图15(b)中的9条曲线分别表示通过人工免疫网络训练后得到的各个抗体中心光谱 $ab.W$ 的光谱分布。抗体根据抗体中心光谱 $ab.W$ 和抗体识别半径 $ab.\sigma$ (见图16),并利用公式(1)对高光谱图像中所有像素进行识别分类。

图16为AIN算法与K-AIN算法训练获得的各个抗体识别半径 $ab.\sigma$ 分布情况,各个直方图的柱高表示抗体识别半径 $ab.\sigma$ 的大小。其中,图16(b)直方图中红色柱条的抗体识别半径对应图15(b)中红色带“\*”抗体中心光谱 $ab.W$ 曲线,属于同一抗体的抗体识别半径 $ab.\sigma$ 和抗体中心光谱 $ab.W$ 。

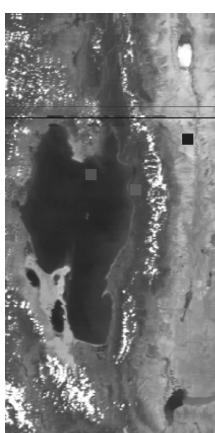


图5 训练样本分布  
Fig. 5 Distribution of training samples

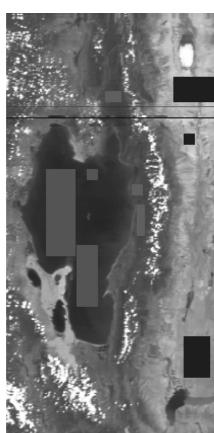


图6 检验样本分布  
Fig. 6 Distribution of test samples



图7 本文算法对水体区域分类结果  
Fig. 7 Result of water classification with K-AIN



图8 本文算法对植被区域分类结果  
Fig. 8 Result of vegetation classification with K-AIN



图9 本文算法对荒地或沙地分类结果  
Fig. 9 Result of bare land or desert classification with K-AIN



图 10 SAM 对水体区域分类结果  
Fig. 10 Result of water classification with SAM



图 11 CEM 对水体区域分类结果  
Fig. 11 Result of water classification with CEM



图 12 SVM 对水体区域分类结果  
Fig. 12 Result of water classification with SVM



图 13 SVDD 对水体区域分类结果  
Fig. 13 Result of water classification with SVDD



图 14 AIN 对水体区域分类结果  
Fig. 14 Result of water classification with AIN

表 4 青海湖地区六种算法分类结果比较

Table 4 Accuracy of classification for the six algorithms in Qing Hai Lake

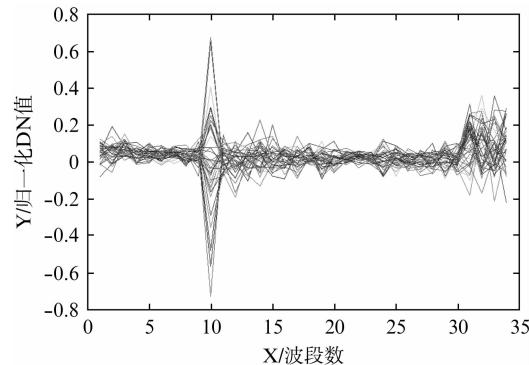
	种类	SAM	CEM	SVM	SVDD	AIN	K-AIN
	水体	100%	100%	99.20%	93.81%	98.82%	100%
分 类 精 度	植被	98.53%	85.69%	86.61%	94.68%	99.63%	97.80%
	荒地	88.11%	47.18%	92.79%	75.30%	93.97%	98.86%
	平均值	95.55%	77.62%	92.87%	87.93%	97.47%	98.89%
	总精度	95.84%	80.89%	96.00%	87.59%	97.24%	<b>99.44%</b>
Kappa		0.9268	0.6844	0.9293	0.8041	0.9510	<b>0.9896</b>
Time		10.98 s	1.61 s	3.99 s	3.02 s	<b>96.54 s</b>	<b>21.76 s</b>

从图 15 和图 16 中可知, AIN 算法需要 36 个抗体才能完成对水体样本空间的覆盖, 而通过核空间映射后仅仅需要 9 个抗体即可实现对水体样本的识别。这主要是因为通过核空间映射后, 抗体的识别半径实际被放大。因此, K-AIN 算法能用较少的抗体识别整个样本群, 大大减小了算法的运算时间(见表 4 时间对比一栏)。

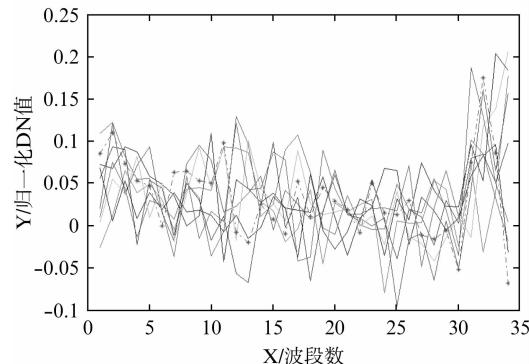
图 17 为水体训练样本、检验样本和抗体中心光谱  $ab.W$  的光谱分布情况。图 17 反映了抗体中心光谱与训练样本及检验样本在光谱维空间中的相对位置关系。抗体中心光谱  $ab.W$  由对应的训练样本经过人工免疫网络训练产生, 抗体中心光谱在水体样本光谱维空间附近起伏变化, 根据抗体识别半径  $ab.\sigma$ , 对检验样本光谱进行分类识别。

#### 4.2 实验二

实验二所用数据为美国国家航空航天局在 1992 年 6 月 12 日通过 AVIRIS 传感器扫描的美国 Indiana 州西北地区高光谱图像。剔除低信噪比和水汽吸收较严重的波段后剩余 188 个波段。在图像中选取三类目标作为分类研究对象, 分别是: 树林



(a) AIN(基于内积运算, 共36个抗体)



(b)K-AIN(基于核空间映射, 共9个抗体)

图 15 AIN 算法与 K-AIN 算法训练获得的水体类抗体中心光谱  $ab.W$  的光谱分布

Fig. 15 Central spectra of the antibodies obtained with (a) AIN algorithm and (b) K-AIN algorithm

(Woods), 干草堆 (Hay-windrowed) 和大豆种植区 (Soybeans-notill)。训练样本如图 18 所示(红色为 Woods, 50 个训练样本; 绿色为 Hay, 25 个训练样本; 蓝色为 Soybeans, 25 个训练样本)。检验样本分布如图 19 所示(Woods 检验样本 1 294 个, Hay 检验样本

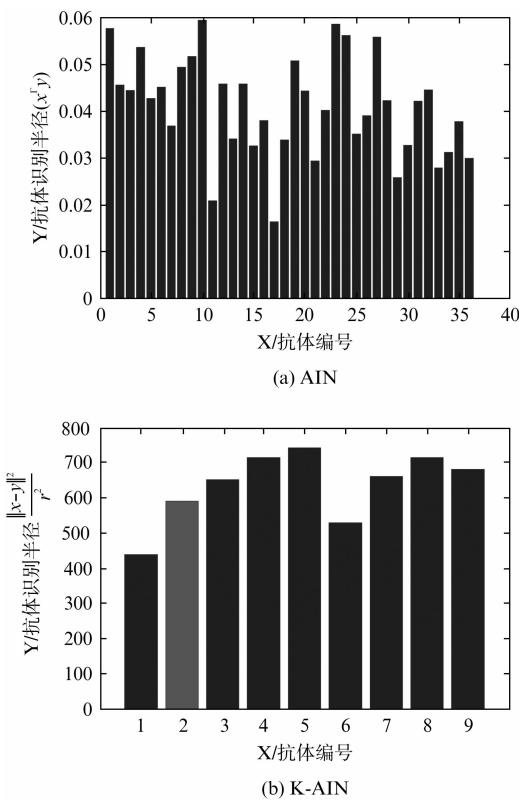


图 16 AIN 算法与 K-AIN 算法训练获得的各个抗体识别半径  $ab. \sigma$  分布情况

Fig. 16 Recognizing radius  $ab. \sigma$  of the antibodies obtained with (a) AIN algorithm and (b) K-AIN algorithm

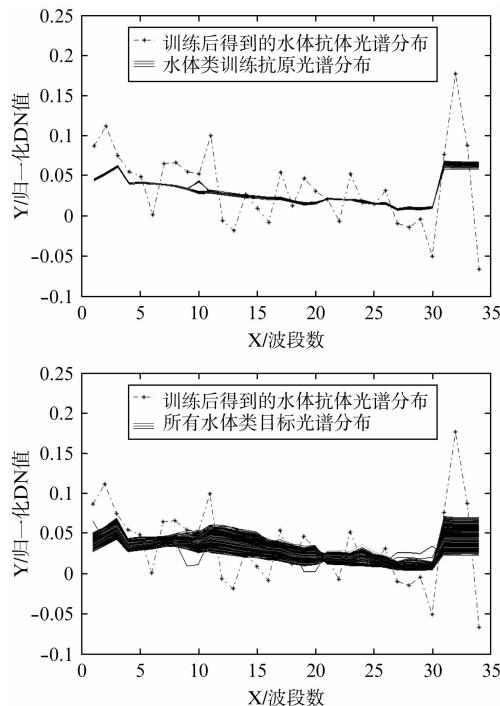


图 17 水体训练样本、检验样本及水体抗体光谱分布 (K-AIN)

Fig. 17 Spectra distribution for water training samples, test samples and an antibodies

489 个, Soybeans 检验样本 968 个). 利用 SAM、CEM、SVM、SVDD、AIN 和 K-AIN 六种算法对三类地物目标进行分类, 分类结果见表 5. 从表中可以看出, 对于 AVIRIS 高光谱图像, SAM 算法的分类效果一般, Kappa 系数在 0.88 左右. CEM 算法分类效果较差, 存在大量误分类噪声点. 对于基于支持向量的两种分类算法而言, SVM 算法分类效果较好, 而基于单分类的 SVDD 算法分类效果较差, 这主要是由于高光谱图像光谱维数较大, 在没有负样本的支持下依靠单类正样本训练难以在高光谱维空间中准确识别目标. AIN 算法和 K-AIN 算法对 AVIRIS 高光谱图像的分类精度都高于其他四种算法. 就 AIN 和 K-AIN 两种算法而言, 经过核空间映射后的 K-AIN 算法的总分类精度比 AIN 算法高 1.82%, Kappa 系数高 0.0293, 并且由于训练产生的抗体更少, 算法运算时间上, K-AIN 算法要比 AIN 算法少 11.72 s. 由此可见, K-AIN 算法在分类精度和分类时间上都优于传统的未改进的 AIN 算法.

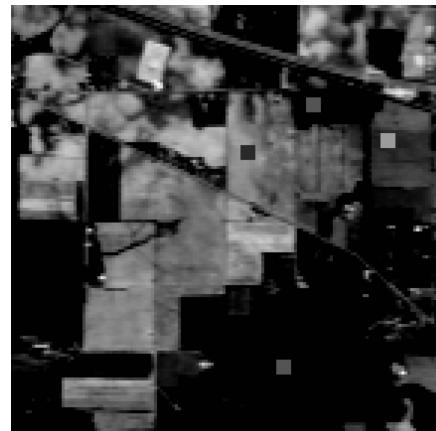


图 18 AVIRIS 高光谱图像训练样本分布  
Fig. 18 Distribution of training samples in AVIRIS Hyperspectral image

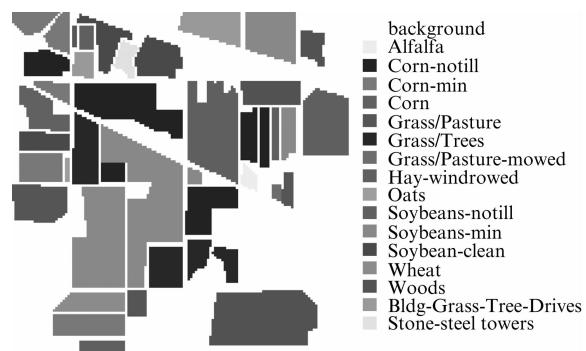


图 19 AVIRIS 高光谱图像检验样本分布

Fig. 19 Distribution of test samples in AVIRIS Hyperspectral image

表5 AVIRIS高光谱图像分类结果比较

Table 5 Comparisons of six classification algorithms for AVIRIS Hyperspectral images

	种类	SAM	CEM	SVM	SVDD	AIN	K-AIN
分类精度	Woods	93.66%	62.91%	99.69%	74.73%	98.15%	97.91%
	Hay	82.62%	57.87%	99.80%	46.63%	88.96%	99.80%
	Soybean	94.52%	41.74%	83.68%	63.43%	99.17%	99.17%
	平均值	90.27%	54.17%	94.39%	61.60%	95.43%	98.96%
	总精度	92.00%	54.56%	94.07%	65.76%	96.87%	<b>98.69%</b>
	Kappa	0.8812	0.4436	0.9002	0.5761	0.9498	<b>0.9791</b>
	Time	1.99 s	1.43 s	1.49 s	1.41 s	<b>22.58 s</b>	<b>10.86 s</b>

## 5 结论

针对高光谱数据的特点,设计了一种基于非线性核空间映射的人工免疫网络的高光谱图像分类算法。利用核函数将图像光谱信息进行核空间映射,解决了非线性光谱造成的线性不可分问题,提升了算法的分类识别精度和运算效率。分析了免疫网络基本原理,构建了抗原、抗体模型,给出了人工免疫网络在核空间分类识别的基本流程。最后两组高光谱遥感数据将本文算法 K-AIN 与 SAM、CEM、SVM、SVDD 和 AIN 等五种高光谱图像分类算法进行了对比实验。实验表明本文算法在总体分类精度和 Kappa 系数明显优于 SAM、CEM、SVM、SVDD 和 AIN 等传统高光谱图像分类算法。在运算时间上,通过核空间映射可以有效地减少人工免疫网络的抗体数量,降低算法运算时间。所以,本文提出的非线性核空间映射人工免疫网络有效地提升了人工免疫网络的高光谱图像分类算法的分类精度和运算效率,扩展了人工免疫网络在非线性核空间的应用,是一种卓有成效的改进型人工免疫网络高光谱图像分类方法。

## References

- [1] Plaza J A, Benediktsson J, Boardman W, et al. Recent advances in techniques for hyperspectral image processing [J]. *Remote Sens. Environ.*, 2009, **113** (S1): S110 – S122.
- [2] WANG Y, GUO L, LIANG N. Improving the classification precision of spectral angle mapper algorithm[C]. in Proceedings of SPIE conference on Remote Sensing and GIS Data Processing and Other Applications, 2009, **7498**: 271 – 276.
- [3] Elbakary M I, Alam M S. Mine detection in multispectral imagery data using constrained energy minimization[C]. in Proceedings of SPIE conference on Optical Pattern Recognition, 2008, **6977**: 71 – 79.
- [4] Begüm Demir, Sarp Ertürk. Clustering-based extraction of border training patterns for accurate SVM classification of hyperspectral images[J]. *IEEE Geosci. and Remote Sens. Lett.*, 2009, **6**(4): 840 – 844.
- [5] Wesam Sakla, Andrew Chan, Jim Ji, et al. An SVDD-based algorithm for target detection in hyperspectral imagery [J]. *IEEE Geosci. and Remote Sens. Lett.*, 2011, **8**(2): 384 – 388.
- [6] Dasgupta D, Yu S, Nino F. Recent Advances in Artificial Immune Systems: Models and Applications [J]. *Applied Soft Computing*, 2011, **11**(2): 1574 – 1587.
- [7] Hunt J E, Cooke D E. Learning using an artificial immune system[J]. *Journal of Network and Computer Applications*, 1996, **19**(2): 189 – 212.
- [8] Dasgupta D, *Artificial immune systems and their application* [M]. Berlin, Germany: Springer-Verlag, 1999.
- [9] De Castro L N, Timmis J. *Artificial immune systems: a new computational intelligence approach* [M]. London, U. K.: Springer-Verlag, 2002.
- [10] ZHONG Y F, ZHANG L P, HUANG B, et al. An unsupervised artificial immune classifier for multi/hyperspectral remote sensing imagery[J]. *IEEE Trans. Geosci. Remote Sens.*, 2006, **44**(2): 420 – 431.
- [11] ZHONG Y F, ZHANG L P, HUANG B, et al. A resource limited artificial immune system algorithm for supervised classification of multi/hyper-spectral remote sensing imagery[J]. *Int. J. Remote Sens.*, 2007, **28**(7): 1665 – 1686.
- [12] ZHONG Y F, ZHANG L P, GONG J Y, et al. A supervised artificial immune classifier for remote-sensing imagery [J]. *IEEE Trans. Geosci. Remote Sens.*, 2007, **45**(12): 3957 – 3966.
- [13] Zhong Y F, Zhang L. Unsupervised remote sensing image classification using an artificial immune network[J]. *Int. J. Remote Sens.*, 2011, **32**(19): 5461 – 5483.
- [14] ZHONG Y F, ZHONG Y, HUANG B J, et al. Dimensionality reduction based on clonal selection for hyperspectral imagery[J]. *IEEE Trans. Geosci. Remote Sens.*, 2007, **45**(12): 4172 – 4186.
- [15] ZHONG Y F, ZHANG L P. An adaptive artificial immune network for supervised classification of multi-/hyperspectral remote sensing imagery[J]. *IEEE Trans. on Geosci. and Remote Sens.*, 2012, **50**(3): 894 – 909.
- [16] GONG B, Im J, Mountakis G. An artificial immune network approach to multi-sensor land use/land cover classification [J]. *Remote Sens. Environ.*, 2011, **115**: 600 – 614.
- [17] Vapnik V N. *The Nature of Statistical Learning Theory* [M]. Springer Verlag, 1995.
- [18] Jerne N K. The immune system[J]. *Sci. Amer.*, 1973, **229**(1): 51 – 60.
- [19] Jerne N K, Towards a network theory of the immune system [J]. *Annu. Immunol.*, 1974, **125**(c): 51 – 60.
- [20] Galeano J, Veloza A, González F. A comparative analysis of artificial immune network models[C]. in Proceedings of GECCO, 2005: 361 – 368.