

基于免疫克隆高斯过程隐变量模型的 SAR 目标特征提取与识别

张向荣, 侯丽敏, 李阳阳, 冯 婕, 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, 陕西 西安 710071)

摘要:作为一种非线性维数约减算法,高斯过程隐变量模型(Gaussian process latent variable model, GPLVM)由于其适合处理小样本、高维数据,因而在模式识别、计算机视觉等领域得到了广泛应用.基于此,提出一种基于改进GPLVM的SAR图像目标特征提取及自动识别方法,其中利用改进的GPLVM进行特征提取,高斯过程分类进行目标识别.传统GPLVM使用共轭梯度法对似然函数进行优化,为避免梯度估值易受噪声干扰、步长对算法影响严重等缺点,提出基于免疫克隆选择算法的GPLVM,利用其具有快速收敛到全局最优的特性提高算法性能.实验结果表明,该算法不仅降低了特征维数,且提高了识别精度,从而验证了算法用于SAR图像目标识别的有效性.

关键词:高斯过程隐变量模型;免疫克隆选择算法;特征提取;SAR图像目标识别

中图分类号:TP751 **文献标识码:**A

Gaussian process latent variable model based on immune clonal selection for SAR target feature extraction and recognition

ZHANG Xiang-Rong, GOU Li-Min, LI Yang-Yang, FENG Jie, 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 nonlinear dimension reduction algorithm, Gaussian process latent variable model (GPLVM) has been widely applied in pattern recognition and computer vision for its capability in dealing with small size and high-dimensional samples. As GPLVM can discover low-dimensional manifolds in high-dimensional data given only a small number of samples, a new SAR target recognition method was proposed, in which a modified GPLVM was used for feature extraction and Gaussian process classification was employed as the classifier. In GPLVM, the likelihood was optimized by using the scaled conjugate gradient. In order to avoid the noise effect to gradient estimate and overcome the disadvantage that the performance is severely affected by the step length, the immune clone selection algorithm based GPLVM was developed for target feature extraction where the immune clonal selection algorithm characterized by rapid convergence to global optimum was utilized to improve the performance. The experimental results show that the method not only reduces the dimension but also gets higher accuracy.

Key words: Gaussian process latent variable model; immune clonal selection algorithm; feature extraction; SAR target recognition

PACS: 41.20.Jb

引言

合成孔径雷达(Synthetic Aperture Radar, SAR)由于能够全天时全天候的成像而被广泛应用于军事

和民事领域.基于二维SAR图像目标识别的研究主要集中在以下两个方面:特征提取和识别.当前,有效的特征提取与小样本问题是SAR目标识别与应用的瓶颈.在一个完善的模式识别系统中,特征提取与选

收稿日期:2012-02-29,修回日期:2012-11-12

Received date: 2012-02-29, revised date: 2012-11-12

基金项目:国家自然科学基金(61272282,61072106,61203303,61272279);陕西省自然科学基金(2011JQ8020);中央高校基本科研业务费专项资金资助(JY10000902001, JY10000902045, K50511020011)

Foundation items: supported by the National Natural Science Foundation of China (61272282,61072106,61203303,61272279), the Provincial Natural Science Foundation of Shaanxi of China (2011JQ8020), and the Fundamental Research Funds for the Central Universities (K50511020011, JY10000902001, JY10000902045)

作者简介 (Biography):张向荣(1978-),女,陕西宝鸡人,博士,主要研究方向为遥感影像分析与理解,模式识别. E-mail: xrzhang@mail.xidian.edu.cn.

择处于对象特征数据采集和分类识别两个环节之间, 它的优劣极大的影响着分类器的设计和性能^[1].

主分量分析 (Principal Component Analysis, PCA)^[2-3] 是一种常用的 SAR 图像特征提取方法, 能较好地克服由于图像尺寸、方向、部分场景内容变化以及噪声干扰等影响. 然而 PCA 只考虑了图像数据中的二阶统计信息, 未能利用数据中的高阶统计信息, 所以只能提取数据集的线性特征. 由 PCA 衍生并推广出两种降维方法: 概率主成分分析 (Probabilistic PCA, PPCA)^[4] 和核主分量分析 (Kernel PCA, KPCA)^[5], 前者是对 PCA 的概率推广, 仍然是通过线性变换达到降维的目的; 后者则是对降维进行了非线性扩展. 但是以上方法只考虑样本能量特征, 因此需要大量的样本数据, 对于小样本数据, 往往不能得到满意的结果^[6].

高斯过程隐变量模型 (Gaussian process latent variable model, GPLVM)^[7-8], 是一种非线性降维技术, 由 PPCA 推导演变而来, 很适合处理小样本的高维数据, 在使用 GPLVM 对 SAR 图像降维时, 优化似然函数用到了共轭梯度法, 其特点是存储量少, 计算方便, 但不足之处是梯度估值易受到噪声干扰, 步长选择不好, 对算法影响很大. 为解决这个问题, 我们引入免疫克隆选择算法 (Immune Clone Selection Algorithm, ICSA) 进行似然函数优化. 免疫克隆选择算法^[9-10] 同时兼顾了局部寻优与全局搜索, 因而在解决优化问题中表现出良好的性能.

在目标识别方面, 学者们做了大量的研究工作. Nibubol 等人^[11] 提出了一种适用随机变换和隐马尔科夫模型的 SAR 目标识别; Huan 和 Yang^[12] 提出基于马尔科夫随机场和 Gabor 特征提取的 SAR 目标识别; Sun 等^[13] 提出将基于径向基函数网络的 Ada-Boost 算法用于 MSTAR 数据库分类; Perlovsky^[14] 等提出基于模型的神经网络方法. 基于样本正交子空间^[15] 以及多方位角图像决策融合的 SAR 目标识别方法^[16] 分别被提出来进一步提高识别的精度. 具有良好分类性能的支撑向量机也被用于 SAR 自动目标识别领域^[17-18].

近年来, 高斯过程先验模型在机器学习领域引起了广泛关注. 与其他核方法如 SVM 分类器进行对比, 高斯过程分类提供了输出变量的概率以及自动相关决策函数, 因此非常适合目标的识别问题.

采用改进的 GPLVM 方法对 SAR 图像进行降维, 应用高斯过程分类器对降维后的训练数据进行训练得到分类模型, 再用该分类模型对测试数据进

行识别. 在基于 MSTAR 数据库的实验结果表明, 本文提出的方法具有较高的识别精度.

1 高斯过程隐变量模型

给定一个包含 N 个 d 维数据点数据集 $Y \in \mathbb{R}^{N \times d}$, 我们寻求一个由 $Y \in \mathbb{R}^{N \times q}$ 给出的 q 维的数据表示. 一个解决该问题的标准概率方法首先需要定义 Y 和 X 间的映射,

$$y_{nj} = f(x_n, w_j) + \varepsilon_{nj} \quad (1)$$

其中 ε_{nj} 是噪声因子, y_{nj} 是 Y 的第 n 行第 j 列的元素, x_n 是 X 第 n 行的向量, 映射参数由向量 $\{w_j\}_{j=1}^d$ 给定. 如果噪声独立于高斯分布, 我们能够得到:

$$p(y_n | x_n, W) = \prod_{j=1}^d N(y_{nj} | f(x_n, w_j), \beta^{-1}) \quad (2)$$

其中, $W = [w_1 \cdots w_d]^T$ 为了噪声的精度 (逆方差) 我们引入 β . 给定 X 和 W , Y 的分布为:

$$p(Y | X, W) = \prod_{n=1}^N \prod_{j=1}^d N(y_{nj} | f(x_n, w_j), \beta^{-1}) \quad (3)$$

对于这个问题, 大多数传统的方法下一步会通过选择适当的先验分布 $p(X)$ 和边缘化将 X 作为隐变量, 接着通过最大化边缘概率 $p(Y | X)$ 来进行模型优化. 相反的, GPLVM 的关键性革新在于: 在映射 $p(W)$ 的基础上放置一个先验分布, 并且最大化关于嵌入的边缘似然. 如果映射为线性,

$$y_{nj} = x_n^T w_j \quad (4)$$

并且使用一个关于 w_j 的高斯先验, 该模型等价于 PCA. 若直接对于函数 $f(x_n, w)$ 考虑一个过程先验, 我们就能够得到非线性映射. 一种恰当的、易处理的过程先验就是高斯过程. 如果每个第 d 个函数的高斯过程先验都相同, 那么我们可以得到如下的似然概率:

$$p(Y | X, \theta) = \prod_{j=1}^d N(y_{(j)} | 0, K) \quad (5)$$

其中 $y_{(j)}$ 是 Y 的第 j 列, $K \in \mathbb{R}^{N \times N}$ 是协方差函数或高斯过程的核, θ 为核函数中的超参数.

事实上, 利用 PCA 进行降维等价于具有公式 (6) 所示的线性核函数的 GPLVM 模型

$$k(x_i, x_j) = x_i^T x_j + \beta^{-1} \delta_{ij} \quad (6)$$

其中 $k(x_i, x_j)$ 是核矩阵 K 的第 i 行第 j 列元素, δ_{ij} 是 Kronecker delta 函数.

在这里, GPLVM 模型使用的是径向基核函数,

$$k(x_i, x_j) = \theta_{bf} \exp\left(-\frac{\gamma}{2}(x_i - x_j)^T(x_i - x_j)\right) + \theta_{biass} + \beta^{-1} \delta_{ij} \quad (7)$$

要获得对数似然函数, 需要联合优化隐变量 X 以及

核参数 $\theta_{bf}, \theta_{biass}, \beta$ 和 γ .

X 的尺度和 γ 的值的表示是存在冗余的,这个冗余通过惩罚 X 中每个元素平方和一半的对数似然:实际上这意味着我们要寻找具有高斯先验的最大后验概率结果.

$$p(X) = \prod_{n=1}^N N(x_n | 0, I) \quad (8)$$

通常采用共轭梯度算法对这种径向基核的似然估计进行优化.

2 基于免疫克隆选择算法的高斯过程隐变量模型

2.1 免疫克隆选择算法

人工免疫系统是模仿自然免疫系统功能的一种智能方法,其研究成果涉及控制、数据处理、优化学习和故障诊断等许多领域,已经成为继神经网络、模糊逻辑和进化计算后人工智能的又一研究热点^[10].

2.1.1 亲和度函数

选择一个适当的亲合度函数是免疫克隆算法能否成功解决问题的关键. 本文将亲合度函数定义为 GPLVM 的似然函数,即公式(5),GPLVM 是建立图像的概率模型,因此需要求解数据相应的似然函数,似然函数越小,亲合度越大.

2.1.2 克隆算子

在人工免疫系统中,克隆选择是由亲和度诱导的抗体随机映射. 根据克隆选择学说,定义克隆选择算子对抗体种群 $A(k)$ 依次进行操作:克隆操作 (T_c^c),免疫基因操作 (T_m^c) 和克隆选择操作 (T_s^c). 抗体群的状态转移情况可以表示成如下的随机过程:

$$A(k) \xrightarrow{T_c^c} Y(k) \xrightarrow{T_m^c} (Z(k) \cup A(k)) \xrightarrow{T_s^c} A(k+1)$$

依据抗体与抗原的亲和度 $f(\cdot)$,解空间中的一个点 $A_i(k) \in A(k)$ 分类成了 q_i 个相同的点 $A_i'(k) \in Y(k)$,经过变异和选择后获得新的抗体种群.

在人工免疫系统中,抗原对应于优化问题的目标函数和各种约束条件,抗体对应于问题的候选解、抗原和抗体之间的亲和度一般指候选解对问题的适应性度量,即解与目标函数的匹配程度.

(1) 克隆操作 T_c^c

定义克隆操作为: $Y(k) = T_c^c(A(k)) = [T_{c_1}(A_1(k)) T_{c_2}(A_2(k)) \dots T_{c_n}(A_n(k))]$

其中, $Y(k) = T_c^c(A_i) = A_i \otimes I_i (i=1, 2, \dots, L, n)$, I_i 为 q_i 维全 1 行向量,称抗体 A_i 的 q_i 克隆. q_i 的大小取决于 $f(A_i)$ 和 n_c , $n_c > n$ 是与克隆规模有关的设定值. 一般情况下取:

$$q_i = \text{Int}(n_c \times \frac{f(A_i)}{\sum_{j=1}^n f(A_j)}), i = 1, 2, \dots, L, n \quad (9)$$

其中, $\text{Int}(x)$ 表示大于的最小整数. 经克隆操作后,抗体种群变为:

$$Y(k) = A(k) U A_1'(k) \\ = [A(k) A_1'(k) A_2'(k) \dots A_n'(k)]$$

其中,

$$A_i(k) = [A_{i1}'(k) A_{i2}'(k) \dots A_{iq_i-1}'(k)], \\ A_{ij}'(k) = A_i(k) j = 1, 2, \dots, L, q_i - 1$$

(2) 免疫基因操作 T_m^c

依据概率 p_m^i 对克隆后的抗体群 $A'(k)$ 进行变异操作, $Z(k) = T_m^c(A'(k))$. 为了保留抗体原始种群的信息,变异算子并不作用到 $A(k) \in Y(k)$, 即:

$$p_m(A_{ij}(k) \rightarrow A_{ij}'(k)) = \begin{cases} p_m^i & A_{ij}(k) \notin A(k) i = 1, 2, \dots, L, n \\ 0 & A_{ij}(k) \in A(k) i = 1, 2, \dots, L, q_i - 1 \end{cases}$$

此时抗体种群由两部分组成:变异得到的抗体集合 $Z(k)$ 和原始抗体集合 $A(k)$.

(3) 克隆选择操作 T_s^c

免疫选择 T_s^c 是从抗体各自克隆后的子种群中选择优秀的个体,从而形成新的种群,即 $A(k+1) = T_s^c(Z(k) \cup A(k))$. 具体的,若 $\forall i = 1, 2, \dots, L, n$, 存在新抗体: $b_i(k) = \{z_{ij}(k) | f(z_{ij}(k)) = \max(f(z_{ij}(k))), j = 1, 2, \dots, L, q_i - 1\}$, 则取代的概率为:

$$p_s(A_i(k+1) = b_i(k)) = \begin{cases} 1 & f(A_i(k)) \leq f(b_i(k)) \\ \exp(-\frac{f(A_i(k)) - f(b_i(k))}{\alpha}) & f(A_i(k)) \geq f(b_i(k)) \text{ 且 } A_i(k) \text{ 不是目前种群的最优解} \\ 0 & f(A_i(k)) \geq f(b_i(k)) \text{ 且 } A_i(k) \text{ 是目前种群的最优解} \end{cases}$$

式中, $\alpha > 0$ 是一个抗体种群多样性有关的参数,一般地, α 取值越大,多样性越好,反之越小.

从上面主要算子的定义可以看出:

1) 克隆操作 T_c^c 是 $A(k) \rightarrow Y(k)$ 的一个确定性映射,实现空间扩张.

2) 免疫基因操作 T_m^c 是 $Y(k) \rightarrow (Z(k) \cup A(k))$ 的随机映射,主要是利用变异操作在单一抗体周围产生一个变异解的群体,利用局部搜索增加了提高抗体与抗原亲合度的可能性.

3) 克隆选择操作 T_s^c 是 $(Z(k) \cup A(k)) \rightarrow A(k+1)$ 的映射,通过局部择优,实现种群的压缩.

2.2 基于免疫克隆选择算法的高斯过程隐变量模型

免疫克隆算法是依靠编码来实现与问题本身无关的搜索,而将特征子集编码成种群中个体是很直

接的.其次,所要优化的目标函数不需要是光滑的,因此甚至可以直接采用分类精度作为评价函数,而不用考虑函数的性质.

具体算法步骤如下:

Step1:产生初始群体:随机产生 n (种群规模) 个抗体作为初始种群 $A(0)$,每个抗体表示一种特征组合,采用实数编码方式,基因串长为约减后的特征向量维数 D ,编码为 $(\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_D)$,其中,每个基因位 α_i 的取值为随机排序 D ;

Step2:计算亲合度:将每个抗体解码为对应的特征组合,得到新的训练样本集,用式(5)求解初始抗体的亲合度;

Step3:判断迭代终止条件:终止条件可设定为亲合度所能达到的阈值或迭代次数,若满足则终止迭代,确定当前种群中最佳个体作为算法最终寻找到的解.否则继续;

Step4:克隆操作:对当前的第 k 代父本种群 $Y(k) = \{A(k), A_1'(k), A_2'(k), \dots, A_n'(k)\}$.每个抗体的克隆规模可以根据抗体与抗原的亲合度大小按比例分配,也可简单的设定为一个固定的整数;

Step5:变异操作:对 $Y(k)$ 中克隆的部分以变异概率 $p_m = 1/D$ 进行变异操作,得到 $Z(k)$;

Step6:计算亲合度:将变异后的抗体群 $Z(k)$ 中各个个体解码为相应的特征组合,依据式(5)计算每个个体的亲合度;

Step7:克隆选择;

Step8:计算亲合度:依据种群中个体的编码,获得新的特征向量组合,依据式(5)计算种群 $A(k+1)$ 的亲合度;

Step9: $k = k + 1$, 返回 Step3.

在实验中,我们对 MSTAR 数据集进行了预处理、特征提取、训练与识别,具体的实验步骤如下:

(1) 预处理:从原始 128×128 的图像中心截取 60×60 的区域,该区域包含了整个目标,而去除了多余的背景区域;

(2) 将每一幅子图像的所有像素值按列取出,排成一个行向量,作为这个子图像的原始特征向量 y_n ,原始特征向量维数 K 为 3 600;

(3) 根据第 2.2 节中的算法步骤,对原始特征向量 y_n 进行改进 GPLVM 变换,利用免疫克隆算法进行优化时,种群规模为 10,个体编码 D 长度分别取 5、10、15、20,克隆规模取为种群规模的 5 倍, $p_m = 1/D$,终止条件为最大进化代数,得到利用改进的 GPLVM 模型降维后的特征向量 x_n ;

(4) 用高斯过程分类器对训练数据集进行训练,超参数 $\theta = \{\sigma_f, l\}$,其中 σ_f^2 为特征向量 x_n 的协方差, $l=1$,用拉普拉斯方法对高斯过程进行近似,用下降梯度法优化超参数;

(5) 用测试数据集和优化后的超参数进行测试,得到每一类目标的预测概率,由预测概率得到每类目标的正确识别率以及全部样本的平均识别率.

3 试验及结果分析

3.1 MSTAR 数据库

MSTAR 动静态目标数据库由美国 Sandia 国家实验室利用 X 波段、HH 极化方式、 $0.3 \text{ m} \times 0.3 \text{ m}$ 高分辨率聚束式 SAR 采集而得,由 Wright 实验室建立用于模型研究的各类地貌散射杂波图和用于分类研究的 18 种各类地面车辆的数据库,每个车辆有 72 个包括不同视角和在 360° 范围内的不同方向的样本.

本文所用到的目标图像全部来自 MSTAR 数据,大小为 128×128 ,包括 3 大类 7 个型号: BMP2 装甲运输车、BTR70 装甲运输车、T72 主战坦克,每类目标的具体型号和数目见表 1 所示.训练样本是 SAR 在俯视角为 17° 时对地面目标的成像数据,测试样本是 SAR 在俯视角为 15° 时对地面目标的成像数据.图 1 给出了 3 种目标在 15° 和 17° 俯视角下不同方位角的样图.

表 1 MSTAR 数据训练集和测试集

Table 1 Training data and test data of MSTAR database

目标型号	训练集 (17° 俯视角)		测试集 (15° 俯视角)	
	序列编号	目标数目	序列编号	目标数目
BMP2	sn-9563	233	sn-9563	195
			sn-9566	196
			sn-c21	196
BTR70	sn-c71	233	sn-c71	196
			sn-132	196
T72	sn-132	232	sn-812	195
			sn-s7	191

3.2 试验结果与分析

为了验证本文方法的有效性,我们比较了 PCA、KPCA、GPLVM 和 GPLVM + ICSA 四种方法对 MSTAR 数据集的正确识别率,GPLVM + ICSA 是基于免疫克隆的改进高斯过程隐变量模型,所用核函数为径向基核函数.

表 2 ~ 6 分别给出了上述 4 种方法在 MSTAR 数据上进行实验的结果,方位角间隔分别为 360° , 180° , 90° , 30° , 10° .例如方位间隔为 10° 的分组实验是指:将 MSTAR 数据库中所有图像在 $0^\circ \sim 360^\circ$

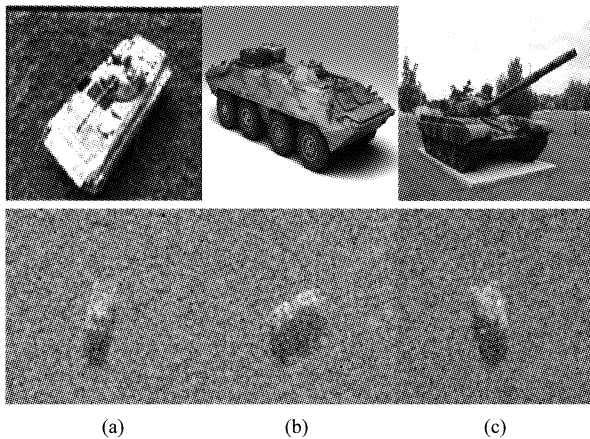


图1 MSTAR 中军事目标的光学图像和 SAR 图像 (a) BMP2 装甲车, (b) BTR70 装甲车, (c) T72 坦克
Fig. 1 Optical images and SAR images of military targets in MSTAR, (a) BMP2 armored vehicles, (b) BTR70 armored vehicles, (c) T72 tanks

方位范围内,按方位间隔 10° 分成 36 组,分别在这 36 组上进行实验,将 36 组得到的平均识别结果作为方位间隔为 10° 的最终识别率.方位角间隔为 360° 是将个角度数据作为整体进行识别.

表2 间隔为 360° 时 SAR 目标结果对比 (%)

维数	算法	BMP2	BTR70	T72	平均识别率
5	PCA	45.32	79.59	94.33	71.14
	KPCA	68.82	87.76	70.27	72.16
	GPLVM	70.02	94.39	74.91	75.60
	GPLVM + ICOSA	86.59	80.75	97.96	88.66
10	PCA	73.94	99.49	96.91	87.40
	KPCA	74.96	100.00	90.03	84.98
	GPLVM	84.67	97.96	95.88	91.36
15	GPLVM + ICOSA	90.92	84.50	99.49	94.50
	PCA	62.35	96.43	97.77	82.34
	KPCA	75.30	99.49	97.08	88.06
	GPLVM	87.56	100.00	97.94	93.77
20	GPLVM + ICOSA	95.02	91.48	99.49	97.08
	PCA	72.40	100.00	98.11	87.33
	KPCA	72.40	99.49	97.42	86.96
	GPLVM	88.93	99.49	98.80	94.65
	GPLVM + ICOSA	95.75	92.50	100.00	97.59

由于 BTR70 特征较为显著,相对其他两种类型坦克较易识别,因为从表 2 中可以看出其识别率较高,在提取 5 维和 15 维特征时用 GPLVM 方法可获得最优的识别率;在提取 10 维特征时, KPCA 方法得到较高的识别率,达到 100%;在提取 20 维特征时, PCA 方法得到较高的识别率.我们的算法在 BMP2 和 T72 两类目标上取得了最高的识别率,且 3 类目标的平均识别率也达到了最优.

表 3 ~ 6 中除了在 180° 间隔 5 维特征中 PCA 方法的整体识别率最优,在 30° 间隔 20 维特征时 GPLVM 方法平均识别率最优,其他情况下 GPLVM + ICOSA 的平均识别率均为最优,且 3 种目标的识别率或为最优或近似最优结果,从而验证了本文所提方法的有效性.

表3 间隔为 180° 时 SAR 目标结果对比 (%)

维数	算法	BMP2	BTR70	T72	平均识别率
5	PCA	81.65	97.20	88.55	86.81
	KPCA	76.98	96.07	69.14	76.35
	GPLVM	74.95	96.73	72.84	77.14
	GPLVM + ICOSA	81.61	96.73	86.20	85.71
10	PCA	82.85	99.07	93.66	89.77
	KPCA	84.33	98.13	82.27	85.40
	GPLVM	87.06	97.20	97.02	92.74
15	GPLVM + ICOSA	87.06	97.20	97.02	92.74
	PCA	91.64	99.53	89.99	92.04
	KPCA	84.69	100.00	95.30	91.40
	GPLVM	86.70	99.53	97.00	92.92
20	GPLVM + ICOSA	86.70	99.53	97.19	93.00
	PCA	88.69	99.53	92.84	91.99
	KPCA	82.47	99.53	95.28	90.36
	GPLVM	85.86	99.53	97.00	92.55
	GPLVM + ICOSA	86.76	99.53	97.00	92.94

表4 间隔为 90° 时 SAR 目标结果对比 (%)

维数	算法	BMP2	BTR70	T72	平均识别率
5	PCA	78.58	97.21	87.31	85.04
	KPCA	77.70	94.67	67.39	75.67
	GPLVM	76.52	97.21	71.55	77.35
	GPLVM + ICOSA	82.56	96.76	84.68	85.51
10	PCA	89.84	99.07	85.76	89.40
	KPCA	84.33	97.67	79.78	84.26
	GPLVM	89.38	98.15	95.52	93.24
15	GPLVM + ICOSA	89.38	98.15	95.52	93.24
	PCA	91.00	100.00	88.84	91.38
	KPCA	86.41	100.00	95.81	92.35
	GPLVM	88.70	100.00	95.66	93.27
20	GPLVM + ICOSA	89.21	100.00	95.49	93.42
	PCA	94.32	99.54	92.60	94.33
	KPCA	88.84	100.00	95.07	93.07
	GPLVM	92.22	99.54	96.52	95.08
	GPLVM + ICOSA	92.42	99.54	96.52	95.16

4 结论

针对高斯过程隐变量模型中采用共轭梯度法带来性能的影响,提出了基于免疫克隆选择算法的改进高斯过程隐变量模型 SAR 目标特征提取与自动识别方法,该模型借助免疫克隆选择算法快速收敛到全局最优解的特性,对于高斯过程隐变量模型的优化有一定的改进,在 MSTAR 数据集上,实验结果

表 5 间隔为 30° 时 SAR 目标结果对比 (%)

Table 5 SAR target results (%) at 30° intervals

维数	算法	BMP2	BTR70	T72	平均识别率
5	PCA	81.20	89.18	76.19	80.15
	KPCA	74.88	96.76	76.30	78.62
	GPLVM	75.46	96.70	77.20	79.31
	GPLVM + ICSA	84.50	97.97	86.08	87.04
10	PCA	92.85	91.20	82.41	87.98
	KPCA	85.30	98.55	87.27	87.92
	GPLVM	87.23	98.55	95.07	92.10
	GPLVM + ICSA	87.52	98.55	95.07	92.22
15	PCA	96.52	91.67	84.87	90.64
	KPCA	91.79	99.54	96.26	94.76
	GPLVM	93.88	99.54	95.98	95.50
	GPLVM + ICSA	91.89	99.54	96.40	94.82
20	PCA	96.63	91.20	86.64	91.38
	KPCA	93.63	100.00	95.26	95.17
	GPLVM	95.01	99.54	96.11	96.02
	GPLVM + ICSA	94.19	99.54	95.94	95.64

表 6 间隔为 10° 时 SAR 目标结果对比 (%)

Table 6 SAR target results (%) at 10° intervals

维数	算法	BMP2	BTR70	T72	平均识别率
5	PCA	61.53	65.49	50.43	57.32
	KPCA	75.55	78.33	53.00	66.07
	GPLVM	78.75	93.74	56.58	72.21
	GPLVM + ICSA	77.74	97.99	82.59	82.62
10	PCA	67.05	67.78	60.79	64.53
	KPCA	81.57	79.44	65.88	74.45
	GPLVM	81.82	94.44	69.17	79.00
	GPLVM + ICSA	81.10	98.54	88.66	86.72
15	PCA	72.37	68.33	65.68	69.02
	KPCA	88.41	80.00	69.60	78.97
	GPLVM	84.02	94.44	74.48	82.10
	GPLVM + ICSA	87.72	96.67	85.62	88.03
20	PCA	74.80	68.33	64.09	69.35
	KPCA	89.22	80.00	71.33	80.06
	GPLVM	84.48	94.44	75.71	82.80
	GPLVM + ICSA	92.41	88.33	81.89	87.12

表明该方法是一种有效的 SAR 目标识别方法,在不同方位角间隔上都能获得良好的识别性能. 基于免疫克隆选择算法的改进高斯过程隐变量模型能够在有限时间内快速收敛到最优解.

REFERENCES

- [1] JIAO L C, WANG S, HOU B. A review of SAR images understanding and interpretation [J]. *Acta Electronica Sinica* (焦李成, 王爽, 侯彪. SAR 图像理解与解译研究进展. *电子学报*), 2005, **33**(12A).
- [2] WANG S X, HE Z G. The fast target recognition approach based on PCA features for SAR images [J]. *Journal of National University of Defense technology* (王世晔, 贺志国. 基于 PCA 特征的快速 SAR 图像目标识别方法. *国防科技大学学报*), 2007, **30**(3): 136 - 140.
- [3] YANG Y, QIU Y, LU C. Automatic target classification experiments on the MSTAR SAR images [C], Proceedings of

the Sixth International Conference on Software Engineering, Artificial Intelligence, Networking and Parallel/Distributed Computing, 2005.

- [4] TIPPING M E, BISHOP C M. Probabilistic principal component analysis [J]. *Journal of the Royal Statistical Society*, 1999, **6**(3): 611 - 622.
- [5] HAN P, WU P B, WANG Z H *et al.* SAR Automatic target recognition based on KPCA criterion [J]. *Journal of Electronics & Information technology*. (韩萍, 吴仁彪, 王兆华, 等. 基于 KPCA 准则的 SAR 图像目标特征提取与识别. *电子与信息学报*), 2003, **25**(10), 1297 - 1301.
- [6] WANG X M, GAO X B. *et al.* Semi-supervised Gaussian process latent variable model with pairwise constraints [J]. *Neurocomputing*, 2010, **73**(10-12), 2186 - 2195.
- [7] LAWRENCE N D. Probabilistic non-linear principal component analysis with Gaussian process latent variable models [J], *Journal of Machine Learning Research*, 2005, **6**, 1783 - 1816.
- [8] LAWRENCE N D. Gaussian process latent variable models for visualization of high dimensional data [C], *Advances in Neural Information Processing Systems (NIPS)*, 2004.
- [9] JIAO Li cheng, DU Hai feng. Development and Prospect of the Artificial Immune System [J]. *Acta Electronica Sinica* (焦李成, 杜海峰. 人工免疫系统进展与展望 [J]. *电子学报*), 2003, **31**(9), 73 - 80.
- [10] DU H F, JIAO L C, WANG S A. Clonal operator and antibody clone algorithms [C], *Proceedings of 2002 International Conference on Machine Learning and Cybernetics*, 2002.
- [11] NILUBOL C, MERSEREAU R M, SMITH M J T. A SAR target classifier using radon transforms and hidden Markov models [J], *Digital Signal Processing*, 2002, **12**(2-3): 274 - 283.
- [12] HUAN R, YANG R. SAR target recognition based on MRF and Gabor wavelet feature extraction [C], *IEEE International Geoscience and Remote Sensing Symposium, IGARSS 2008*.
- [13] SUN Y J, LIU Z P. Adaptive Boosting for Synthetic Aperture Radar automatic target recognition [J]. *IEEE Trans. Aerospace and Electronic Systems*. 2007, **43**(1): 112 - 125.
- [14] PERLOVSKY L I, SCHOENDORF W H, BURDICK B J. Model-based neural network for target detection in SAR images [J], *IEEE Trans. on Image Processing*, 1997, **6**(1): 203 - 216.
- [15] HAN Z, SU Z G, HANG P. SAR target recognition method based on orthogonal subspace of samples [J], *Journal of electronics & information technology* (韩征, 苏志刚, 韩萍. 基于样本正交子空间的 SAR 目标识别方法, *电子与信息学报*), 2009, **31**(11): 2581 - 2584.
- [16] HUAN R H, YANG R L. SAR target recognition using multiple views decision fusion [J]. *Journal of remote sensing* (宦若虹, 杨汝良. 多方位角图像决策融合的 SAR 目标识别. *遥感学报*), 2010, **14**(2): 257 - 266.
- [17] ZHAO Q, PRINCIPE J C. Support vector machines for SAR automatic target recognition [J]. *IEEE Transactions on Aerospace and Electronic Systems*. 2001, **37**(2): 643 - 654.
- [18] ZHANG X, JIAO L, ZHOU S, *et al.* Adaptive multiparameter spectral feature analysis for synthetic aperture radar target recognition [J]. *Optical Engineering*, 2012, **51**(8), 087203 doi:10.1117/1.OE.51.8.087203.