

一种有效的最优序参量重构方法

王海龙 戚飞虎

(上海交通大学计算机科学与工程系, 上海 200030)

摘要 针对模式识别中协同方法存在的问题, 提出了一种协同神经网络中序参量重构的方法, 该方法是利用遗传算法的全局最优搜索能力, 通过对训练样本集的学习, 然后再通过在序参量的重构参数空间进行全局搜索来获得最优重构参数. 利用实际采样得到的样本对新算法进行的测试表明, 新方法确实能找到一组序参量重构参数, 并能使识别性能有较大提高.

关键词 序参量 序参量重构 协同神经网络 协同计算机 遗传算法

中图法分类号: TP183 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(2001)01-0056-05

An Effective Method of Optimal Reconstruction of Order Parameters

WANG Hai-long, QI Fei-hu

(Department of Computer Science and Engineering, Shanghai JiaoTong University, Shanghai 200030)

Abstract A novel method of reconstruction of order parameters in synergetic neural network is presented in this paper. Considering the neural network has the self-learning ability, so we construct this linear transformation using this ability. Additionally, considering the genetic algorithm has the globally optimal searching ability, so we can achieve these reconstruction parameters using genetic algorithm. The new method trained the synergetic neural network using genetic algorithm on the training samples set, after the convergence of genetic algorithm, the reconstruction parameters can be got. In the theory, genetic algorithm can achieve the globally optimal reconstruction parameters after infinite computation, which can be guaranteed by itself theory. So this method completely solves the construction of reconstruction parameters on the theory. The test on the samples from real applications shows: new method really can find a group of reconstruction parameters which improves the performance of synergetic neural network greatly.

Key words Order parameters, Reconstruction of order parameters, Synergetic neural networks, Synergetic computer, Genetic algorithm

0 引言

模式识别的协同方法, 最早由 Haken 教授提出^[1], 之后立即就引起了人们广泛的研究兴趣. 如 1994 年 Wagner 和 Boebel 就提出了利用简单的数学平均并在协同神经网络的伴随模式中引入多样本信息的 SCAP (Synergetic Computer using Adjoint Prototypes) 算法^[2]. 1998 年, 我们又提出了利用 C-均值聚类算法, 并在协同神经网络的伴随模式中引入多样本信息的学习算法^[3]. 1997 年胡栋梁等首先发现了协同方法中序参量的构造存在着不合理性, 并提出了序参量重构的概念^[4], 希望通过对实验模式 q 进

行线性变换来改变各模式序参量间的比例关系, 进而来控制序参量的行为. 但是该文没有提出一种具体而有效的, 构造这种线性变换的方法. 事实上, 由于模式识别应用的多样性及应用环境的复杂性, 很难提出一种普遍而有效的根据实验模式 q 的定量计算来得到这种线性变换的方法, 例如, 在文献^[4]的实验中所提出的根据欧氏距离来构造线性变换系数的方法, 在实际应用中很难有效果. 但考虑到神经网络之所以得到飞速发展的重要原因是由于神经网络具有自学习能力, 所以本文通过利用协同神经网络的学习能力来构造这种线性变换. 这种方法不仅能够很好地适应各种应用的需要, 而且能够得到较为满意的结果. 另外, 考虑到遗传算法具有全局最优搜索能力, 因而提出了利

用混合遗传算法和协同神经网络相结合的方法来对序参量进行线性变换,通过对实际采样得到的样本进行测试获得的结果表明:新方法能够有效地获得重构参数,并能使协同神经网络的识别性能有较大提高。

1 模式识别的协同方法

一般模式形成的动力学过程可以理解为粒子在势能超平面上的一种过阻尼运动。若粒子从试验模式的对应点出发,当粒子到达对应于某个原型模式 ν_k 的势能极小值点时,则试验模式的分类过程也已经完成,也就是说,试验模式就被识别为对应的那个原型模式,同时可将 M 个原型模式 ν_k 和试验模式 q 归一化为具有零均值和单位长度的 N 维列向量,而且为了满足原型模式间线性无关条件,要求 $M < N$ 。因此,Haken 教授指出,协同识别方法可描述为一个有势的动力学过程^[1],其势能函数表达式如下

$$V = -\frac{1}{2} \sum_{k=1}^M \lambda_k (\nu_k^+ q)^2 + \frac{1}{4} \sum_{l \neq k} \sum_{k \neq l} B_{kl} (\nu_l^+ q)^2 (\nu_k^+ q)^2 + \frac{1}{4} C (q^+ q)^2 \quad (1)$$

其中, λ_k 为注意参数; B_{kl} 和 C 为常数, ν_k, ν_l 参见文献^[1]。

由式(1)可见,势能函数 V 由 3 项组成,第一项定义为在势能面上对应原型模式的极小值,而每个极小值的深度则由注意参数 λ_k 决定;第二项定义了各原型模式之间的竞争,并决定各原型模式吸引域之间的边界,这些边界又靠参数 B_{kl} 来定义;第三项是限制项,由常数 C 决定。

为了降低系统维数,又引入一个序参量 ξ_k ,该序参量定义为试验模式 q 在伴随模式上的投影

$$\xi_k = \nu_k^+ q, \quad k = 1, \dots, n \quad (2)$$

然后就可根据势动力学原理,得到协同系统经过简化的模式识别动力学方程

$$\dot{\xi}_k = \lambda_k \xi_k - \sum_{l \neq k} B_{kl} \xi_l^2 \xi_k - C \left(\sum_{l=1}^n \xi_l^2 \right) \xi_k \quad (3)$$

当 $\lambda_k = B_{kl} = C = 1.0$ 时,则初始序参量最大的模式将成为网络收敛的最终结果,其中 $k, l = 1, \dots, M$ 。

2 基于遗传算法的序参量重构

2.1 序参量重构

由于文献^[4]证明了 Haken 模型中的序参量构

造存在着明显的不合理性,因此为了使识别过程更能合理地反映模式间的关系,就需要对序参量进行重新构造。重新构造的过程是首先令变换矩阵 $T = P \Gamma P^+$, 其中, $\Gamma = \text{diag} \{ \gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_M \}$ ^[4], 然后用 T 对状态向量 q 作线性变换可得到

$$Tq = \sum_{k=1}^M \xi_k \gamma_k \nu_k, \quad \nu_k^+ \cdot Tq = \xi_k \gamma_k \quad (4)$$

这里,对状态向量 q 的线性变换,实际上就是改变各模式序参量间的比例关系,从而也就提供了一种通过选择一组参量 $(\gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_M)$ 来控制序参量行为的途径。这时,可令变换后的状态向量 \tilde{q} 和序参量 $\tilde{\xi}_k$ 分别为: $\tilde{q} = Tq, \tilde{\xi}_k = \nu_k^+ \cdot Tq$, 这样变换后的状态向量 \tilde{q} 和序参量 $\tilde{\xi}_k$, 即满足与变换前的状态向量 q 和序参量 ξ_k 完全相同的动力学方程。

2.2 基于遗传算法的重构方法

遗传算法(GA)最早由 Holland 提出,它模拟了自然选择和自然遗传过程中发生的繁殖、杂交和变异现象,通过复制(duplication)、杂交(crossover)和变异(mutation)3 个基本遗传算子来实现种群进化^[5]。本文就是利用遗传算法在参数空间来搜索最优重构参数 $\{\gamma_k | \gamma_k \in [0, 5], k = 1, 2, \dots, M\}$ 的一次尝试,其中,重构参数采用二进制编码,即将 $\gamma_k (k = 1, 2, \dots, M)$ 用 23bit 来表示,并用前 3bit 表示整数部分,余下部分用来表示小数部分,所以 γ_k 的精度可达到 0.000 001,取值范围为 $[0, 8]$, 这样一个染色体就可用 230bit 来表示。因为最优重构是针对给定的样本训练集,所以相应地即可把协同神经网络对给定训练样本集进行成功识别的数目,作为该组重构参数的适应度值,其中,协同神经网络对给定训练样本集进行识别的参数设置为: $B = C = \lambda = 1$ 。由此可见,这里是利用与最初最大序参量对应的模式将被最终识别出来的原理,对数字图象进行识别的。另外,GA 算法的参数和算子的设置如下:每一代种群规模为 20;最大繁衍代数(Maximum generation)设置为 200 代;交叉概率 p_c 和变异概率 p_m 都分别取 0.9, 0.1。本文采用的遗传算子分别是转盘选择算子、算术交叉算子和非一致变异算子;采用的停止准则为 EPSILON-DELTA 停止准则。具体的遗传算法流程如下:

(1) 随机产生初始解群 $P = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ 作为第一代种群,并给出 P 中所有个体的适应度值。

(2) 通过选择算子挑选出合适的新个体,产生新的解群 P' ;

(3) 对解群 P' 以概率 p_c 进行交叉算子操作,得

到解群 P'' ;

(4) 对解群 P'' 以概率 p_m 进行变异算子操作, 得到解群 P''' ;

(5) 计算解群 P''' 中所有个体的适应度;

(6) 若计算代数已到, 或解群中已产生满意解, 则算法结束; 否则, 转到第(2)步。

3 实验结果和讨论

将从“车牌自动识别系统”中得到的 421 幅数字二值图象作为新的序参量重构方法的训练样本, 所有实验都在 CELERON 300A 上的 Matlab 5.2 环境下完成。实验中首先利用 SCAP 算法^[2]对 421 幅

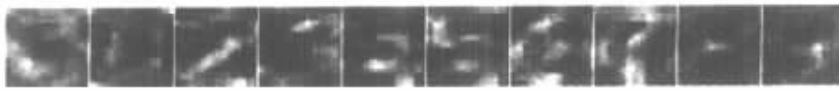
图象进行计算, 并得到如图 1 所示的原型模式和伴随模式, 然后利用新的序参量重构方法来训练重构参数 $(\gamma_1, \gamma_2, \dots, \gamma_M)$ 。

图 2 和图 3 分别反映了序参量重构前后, 对模式‘9’的识别和讨论情况。序参量重构前, 由于原始序参量取值的不合理性, 模式‘9’被误识为模式‘0’, 导致协同方法识别失败; 序参量重构后, 由于克服了原始序参量取值的不合理性, 因此模式‘9’被正确识别, 协同方法识别成功。

当 $n=0$ 时, 表示输入图象。从图 2(a)演化图象和图 2(b)序参量演化曲线图都可以看出, 由于原始序参量取值不合理, 导致 $\xi^{(0)}$ 占优势, 进而支配系统, 从而使试验模式‘9’最终被误识为模式‘0’。

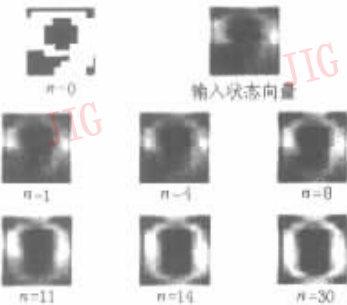


(a) 由 SCAP 算法计算得到的 10 个原型模式

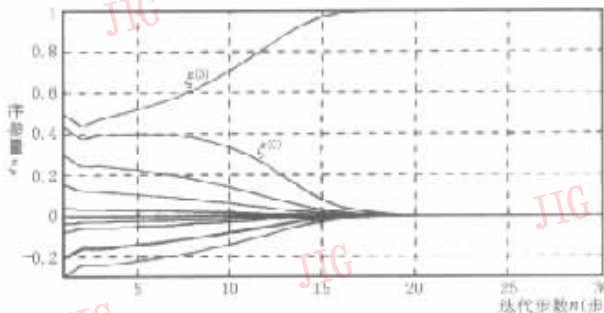


(b) 与(a)中 10 个原型模式对应的伴随模式

图 1 SCAP 算法计算得到的原型模式和伴随模式

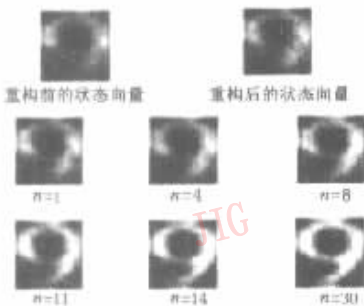


(a) 模式‘9’演化图象

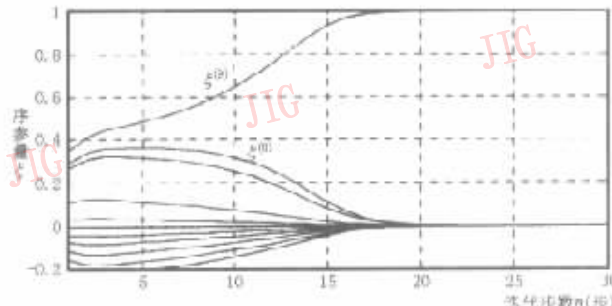


(b) 序参量演化曲线图

图 2 序参量重构前对模式‘9’的识别



(a) 模式‘9’演化图象



(b) 序参量演化曲线图

图 3 序参量重构后对模式‘9’的识别

从图 3(a)演化图象和图 3(b)序参量演化曲线图都可以看出,重构后的序参量克服了原始序参量取位的不合理性,使 $\xi^{(9)}$ 占优势,进而支配系统,从而使试验模式‘9’最终被正确识别。

图 4 和 5 分别反映了序参量重构前后对模式‘6’的识别和讨论情况。序参量重构前,由于原始序参量取值不合理,模式‘6’被误识为模式‘0’,导致协同方法识别失败;序参量重构后,克服了原始序参量取值的不合理性,模式‘6’也被正确识别,协同方法

识别成功。同样,从图 4(a)演化图象和图 4(b)的序参量演化曲线图可以看出,由于原始序参量取值的不合理性,导致 $\xi^{(0)}$ 占优势而支配系统,从而使试验模式‘6’最终被误识为模式‘0’。而从图 5(a)演化图象和图 5(b)序参量演化曲线图也可看出,重构后的序参量克服了原始序参量取值的不合理性,并使 $\xi^{(6)}$ 占优势而支配系统,从而使试验模式“6”最终被正确识别。

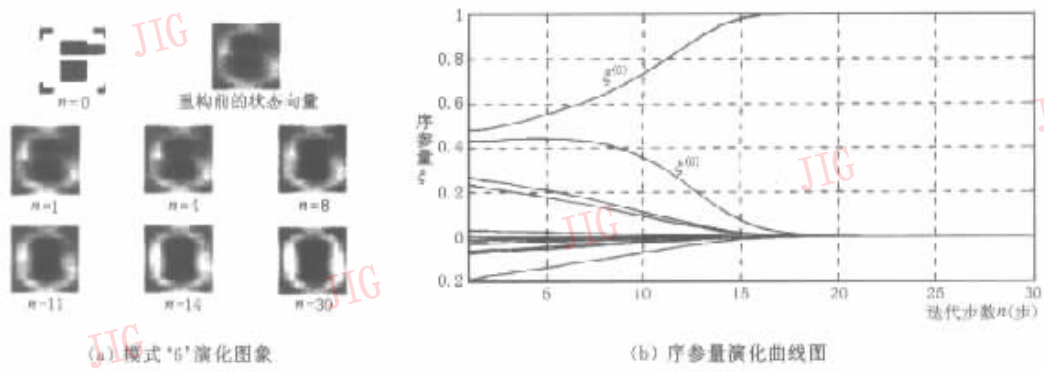


图 4 序参量重构前对模式‘6’的识别

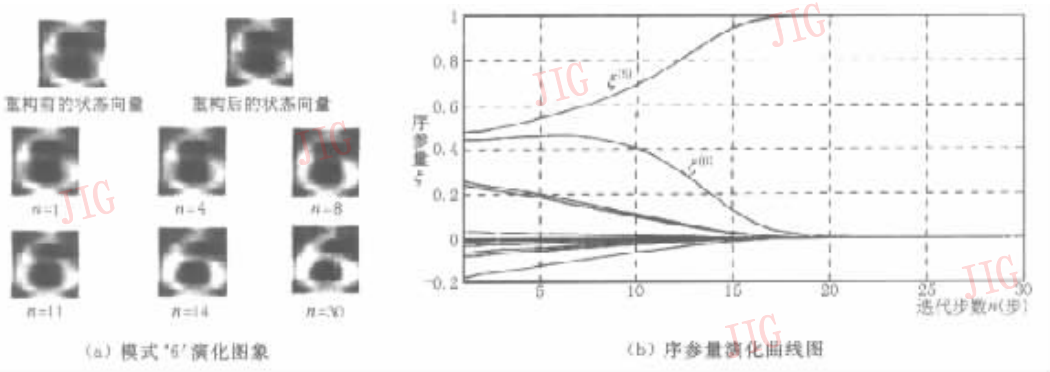


图 5 序参量重构后对模式‘6’的识别

图 6 中的曲线是新的序参量重构法的繁衍代数与最佳适应值之间的关系曲线,其中 $p_c = 0.9$,

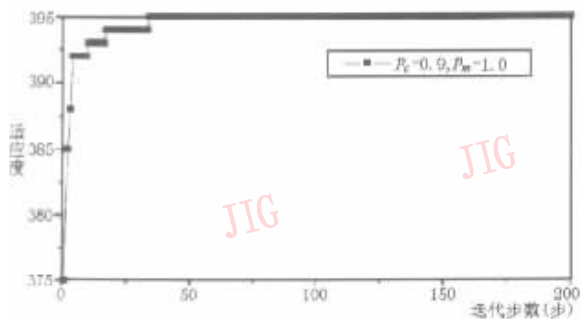


图 6 繁衍代数与最佳适应值之间的关系曲线

$p_m = 0.1$ 。从图 6 曲线可看出:新的序参量重构法具有较好的收敛性能和全局搜索能力强的特点。同时,新的序参量重构法还使协同方法的识别性能得到有效地提高,在对实际采样得到的数字样本的测试中,识别率达到了 94%,比重构前的 89.3% 识别率提高了将近 5%。另外,由于遗传算法具有全局最优搜索能力,因此在繁衍代数足够多的情况下,新的序参量重构方法可以保证在现有的原型、伴随模式和平衡注意参数条件下,利用协同神经网络进行模式识别能获得最佳识别率。用基于遗传算法的序参量重构法得到的最佳重构参数如表 1 所示。

表 1

γ_1	γ_2	γ_3	γ_4	γ_5	γ_6	γ_7	γ_8	γ_9	γ_{10}
2.039 1	1.876 2	2.581 8	3.069 4	3.074 6	2.457 2	2.687 1	3.471 2	2.206 8	2.766 2

4 结 论

本文针对协同方法中序参量重构的不合理性提出了基于二进制编码遗传算法的序参量重构方法,该方法是利用协同神经网络的自学习能力和遗传算法的全局最优搜索能力,通过对训练样本集的学习,在序参量的重构参数空间进行全局搜索来获得最优重构参数.新方法能够有效地为各种识别情况构造一组序参量线性变换的全局最优重构参数,通过对新的序参量重构方法进行的测试表明:新算法确实能找到一组序参量重构参数,以便使协同方法能有较好的识别效果;同时基于遗传算法的序参量重构方法也表现出较好的收敛性能和全局最优搜索能力.

参 考 文 献

- 1 Haken H. 协同计算机和认知——神经网络的自上而下方法. 中国计算机学会学术著作丛书. 杨家本译. 北京:清华大学出版社,1994.
- 2 Wagner T, Boebel F G. Testing synergetic algorithms with industrial classification problems. *Neural Networks*, 1994, 7(8):1313~1321.

- 3 王海龙,戚飞虎. 基于聚类法的协同神经网络学习算法. *上海交通大学学报*,1998,32(10):39~41.
- 4 胡栋梁,戚飞虎. 模式识别协同方法中的序参量重构. *红外与毫米波学报*,1997,17(3):177~181.
- 5 刘勇,康毓山,陈屏. 非数值并行算法——遗传算法(第二册). 北京:科学出版社,1997.

王海龙 1971 生,1994 年在南京大学物理系晶体专业获理学学士学位,1997 年在南京大学物理系凝聚态物理专业获理学硕士学位,现在上海交通大学电子信息学院通信与电子系统专业攻读博士学位. 主要从事协同理论和应用、神经网络、图象处理、计算机视觉与图象通信等方面的研究.

戚飞虎 1938 年生,1961 年毕业于西安交通大学无线电系,1961 年至 1984 年在上海交通大学电子工程系任教. 现为上海交通大学计算机科学与工程系教授,博士生导师,中国图象图形学会常务理事. 主要从事计算机智能与多媒体通信方面的研究.