

基于 GA 和 MP 的信号稀疏分解算法的改进

张 静, 方 辉, 王建英, 尹忠科

ZHANG Jing, FANG Hui, WANG Jian-ying, YIN Zhong-ke

西南交通大学 信息科学与技术学院, 成都 610031

School of Information Science & Technology, Southwest Jiaotong University, Chengdu 610031, China

E-mail: hao281@126.com

ZHANG Jing, FANG Hui, WANG Jian-ying, et al. Improved GA-based MP algorithm for signal sparse decomposition. *Computer Engineering and Applications*, 2008, 44(29): 79-81.

Abstract: Sparse representation of signals has been applied in signal processing. Based on the sparse matching pursuit (MP) decomposition is the most common way on signal sparse decomposition, and it is almost the fastest algorithm in all the sparse decomposition algorithms, but the computational burden in signal sparse decomposition process is very huge. A new fast algorithm is presented based on Matching pursuit (MP) signal sparse decomposition. Genetic algorithms (GA) is applied to effectively search in the dictionary of atoms for the best atom at each step of MP. An improved algorithm is presented to solve the existence of the basic genetic algorithm immature convergence and easy optimal solution in to local issues. Finally the experimental results show that the performance of the proposed algorithm is very good.

Key words: signal processing; sparse decomposition; Matching Pursuit (MP); Genetic Algorithms (GA); improved algorithms

摘 要: 信号的稀疏表示在信号处理的许多方面有着重要的应用, 基于 MP 的稀疏分解是目前信号稀疏分解的最常用方法, 也是几乎所有稀疏分解算法中速度最快的, 但其存在的关键问题仍然是计算量十分巨大。基于利用 MP (Matching Pursuit) 方法实现的信号稀疏分解算法, 采用遗传算法 (GA) 快速寻找 MP 过程中每一步分解的最佳原子。并针对基本遗传算法存在的未成熟收敛和易陷入局部最优解的问题, 提出了对基于 GA 和 MP 的信号稀疏分解的一种改进算法, 实验结果证实了改进算法的有效性。

关键词: 信号处理; 稀疏分解; 匹配跟踪 (MP); 遗传算法 (GA); 改进算法

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2008.29.021 文章编号: 1002-8331(2008)29-0079-03 文献标识码: A 中图分类号: TN911.72

1 引言

在众多信号处理的应用中, 都希望找到一种稀疏的数据表示。用稀疏逼近取代原始数据表示可从实质上降低信号处理的成本, 提高压缩效率。1993 年, Mallat 和 Zhang 首先提出了应用过完备冗余库 (over-complete dictionary) 对信号进行稀疏分解的思想^[1], 开创了信号稀疏分解 (sparse decomposition) 这一信号分析的新方向。由于信号的稀疏表示的优良特性, 信号稀疏表示已经被应用到信号处理的许多方面, 如信号去噪^[2]、信号编码^[3]和识别^[4]等。

基于 MP (Matching Pursuit) 的信号稀疏分解在数据压缩、信号特征提取、时频分析等领域得到了广泛应用, 但它是一个典型的 NP 问题, 计算时间在现有条件下令人无法忍受。为快速实现信号的稀疏分解, 国内外研究人员提出了很多快速算法^[7-9], 如结合遗传算法、蚁群算法等实现稀疏分解。文中利用 MP 的方法进行信号的稀疏分解, 在 MP 的每一步中, 用改进的遗传算法, 快速实现在过完备库中选取最佳的原子。通过与基于 GA 和 MP 的信号稀疏分解的比较发现, 利用提出的方法, 较好地

解决了信号稀疏分解计算量大等难题。

2 基于 MP 的信号稀疏分解

假设研究的信号为 f , 信号长度为 L 。若将信号分解在一组完备正交的基上, 则这组基的数目应为 L 。由于基的正交性, 因而基在由信号所组成的空间中的分布是稀疏的, 从而, 信号的能量在分解以后将分散分布在不同的基上。这种能量分布的分散最后将导致用基的组合表示信号时表达的不简洁性, 即信号表示不是稀疏的。非稀疏的表示, 不利于信号的处理, 如识别和压缩等。为了得到信号的稀疏表示, 基的构造必须使得基在信号组成的空间中足够的密。由此, 基的正交性将不再被保证, 所以此时的基也不再是真正意义上的基了, 而改称为原子。由这些原子组成的集合, 是过完备的, 被称为过完备库 (over-complete dictionary of atoms)。信号在过完备库上的分解结果一定是稀疏的^[1]。

设 $D = \{g_\gamma\}_{\gamma \in \Gamma}$ 为用于进行信号稀疏分解的过完备库, g_γ 为由参数组 γ 定义的原子。用不同的方法构造原子, 参数组 γ 所

基金项目: 国家自然科学基金 (the National Natural Science Foundation of China under Grant No.60602043)。

作者简介: 张静 (1983-), 女, 硕士研究生, 研究方向: 信号与信息处理。

收稿日期: 2007-11-26 修回日期: 2008-02-21

含有的参数及参数个数也不一样。原子 g_γ 的长度与信号本身长度相同,但原子应作归一化处理,即 $\|g_\gamma\|=1$ 。 Γ 为参数组 γ 的集合。由库的过完备性可知,参数组 γ 的个数应远远大于信号的长度,即若用 P 表示过完备库 $D=\{g_\gamma\}_{\gamma \in \Gamma}$ 中原子的个数,则 P 应远远大于信号长度 L 。MP 方法分解信号过程如下^[1]:

首先从过完备库中选出与待分解信号最为匹配的原子 g_{γ_0} ,其满足以下条件:

$$|\langle f, g_{\gamma_0} \rangle| = \sup_{\gamma \in \Gamma} |\langle f, g_\gamma \rangle| \quad (1)$$

信号因此可以分解为在最佳原子 g_{γ_0} 上的分量和残余两部分,即为:

$$f = \langle f, g_{\gamma_0} \rangle g_{\gamma_0} + R^1 f \quad (2)$$

其中 $R^1 f$ 是用最佳原子对原信号进行最佳匹配后的残余。对最佳匹配后的残余可以不断进行上面同样的分解过程,即:

$$R^k f = \langle R^k f, g_{\gamma_k} \rangle g_{\gamma_k} + R^{k+1} f \quad (3)$$

其中 g_{γ_k} 满足:

$$|\langle R^k f, g_{\gamma_k} \rangle| = \sup_{\gamma \in \Gamma} |\langle R^k f, g_\gamma \rangle| \quad (4)$$

由公式(2)和(3)可知,经过 n 步分解后,信号被分解为:

$$f = \sum_{k=0}^{n-1} \langle R^k f, g_{\gamma_k} \rangle g_{\gamma_k} + R^n f \quad (5)$$

其中 $R^n f$ 为原信号分解为 n 个原子的线性组合后,用这样的线性组合表示信号所产生的误差。由于每一步分解中,所选取的最佳原子满足公式(4),所以分解的残余 $R^n f$ 随着分解的进行,迅速地减小。已经证明^[1],在信号满足长度有限的条件下(对数字信号而言,这是完全可以而且一定满足的), $\|R^n f\|$ 随 n 的增大而指数衰减为 0。从而信号可以分解为:

$$f = \sum_{k=0}^{\infty} \langle R^k f, g_{\gamma_k} \rangle g_{\gamma_k} \quad (6)$$

事实上,由于 $\|R^n f\|$ 的衰减特性,一般而论,用少数的原子(与信号长度相比较而言)就可以表示信号的主要成分,即:

$$f \approx \sum_{k=0}^{n-1} \langle R^k f, g_{\gamma_k} \rangle g_{\gamma_k} \quad (7)$$

其中, $n \ll L$ 。公式(7)和条件 $n \ll L$ 集中体现了稀疏表示的思想。

基于 MP 的稀疏分解,算法易于理解,是目前信号稀疏分解的最常用方法。但和其它的信号稀疏分解方法一样,其存在的关键问题是计算量十分巨大。在基于 MP 的信号稀疏分解中,每一步都要完成信号或信号分解的残余在过完备库中的每一个原子上的投影计算。按公式(4)所要求,每一步分解实际上要进行的内积计算 $\langle R^k f, g_\gamma \rangle$ 是一个在很高维(L 维)空间的内积计算,而且要进行很多次(P 次),这是 MP 信号稀疏分解计算量巨大的根本原因所在。公式(4)所代表的问题,即 MP 每一步分解所需解决的问题,实际上是一个最优化问题,直接的求解方法是全局搜索的方法,这将非常费时。对此问题,利用传统的遗传算法可以很好地快速解决。

3 利用遗传算法寻找最佳原子及其改进算法

遗传算法最早由 Holland 提出,是一种仿生优化算法,以生物进化理论和遗传学为理论基础,并在科学研究和工程实践中有着广泛的应用;在本质上是一种高效并行全局搜索算法^[6],

有着非常强的鲁棒性。由于基于 MP 的信号稀疏分解的每一步,实际上是解由公式(4)所表示的最优化问题,所以可以利用遗传算法来解决这个问题。把定义一个原子的参数组 γ 作为待寻优参数(或称为遗传算法中的个体或染色体),遗传算法的编码采用直接值编码方式(Value Encoding),信号或信号残余与原子的内积的绝对值 $|\langle R^k f, g_\gamma \rangle|$ 作为适应度函数,利用遗传算法在过完备库中选取最佳匹配原子的过程可以用参考文献[9]所示的流程图,过程如图 1 所示。

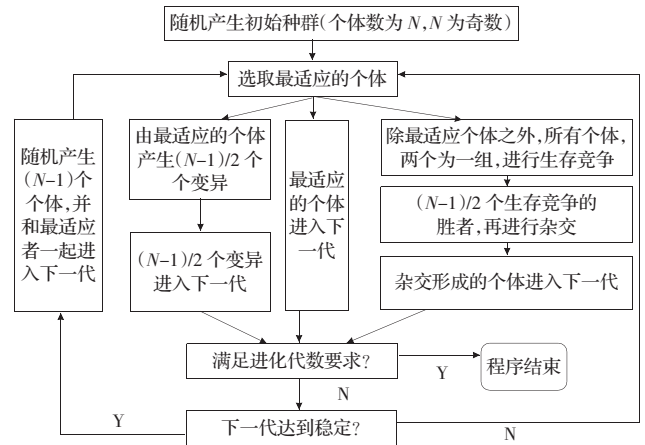


图 1 寻找最佳原子的遗传算法流程图

参考文献[9]利用遗传算法寻找最佳原子,极大地减少了计算量,是对公式(4)所表示的最优化问题的一个较令人满意的解决方案。但如何在解的质量方面和计算的复杂性方面取得一个更好的平衡,仍有必要寻求对其进行优化,以下是对其进行优化的一种方法。

参考文献[4-5]指出传统遗传算法中,变异范围固定不变,如果选择较大的变异范围,在迭代开始时,变异的范围很大,虽然可以加快搜索,但是在迭代后期如果变异的范围还是很大的话,就容易偏离优秀的个体;如果选择较小的变异范围,在迭代开始时,变异的范围很小,很容易陷入局部极小。针对这些缺陷,在参考文献[9]的基础上提出了一种改进算法,即在上述最佳原子的形成的过程中让交叉和变异进一步优化,具体优化过程如下:

(1)交叉过程中:让生存竞争的优胜者和最适应的个体进行杂交形成个体进入下一代。

(2)变异过程中:由最适应的个体进行变异,使适应值的变异范围随着迭代次数的增加由大到小变化,产生 $(N-1)/2$ 个变异进入下一代。

4 实验结果与分析

实验中采用长度为 256 取值范围为[0 255]的实际信号。过完备库中原子的构造方法按文献^[9]。当信号长度为 256 时,根据此文献,库的大小为含有 126 490 个原子,以满足库的过完备性。文中随机产生的原子参数组的个数为 21(奇数),由于信号稀疏分解的速度依赖于计算条件,所以给出实际的稀疏分解时间是没有太大的参考意义的(几乎没有文献给出信号稀疏分解的计算时间)。把基于 MP 的信号稀疏分解的速度设为 1,文中所给出算法的速度是基于 MP 信号稀疏分解的速度的多少倍来表示算法速度。信号质量评价标准是用重建信号与原始信号

的均方误差或峰值信噪比,其中峰值信噪比最为常用。文中以均方误差作为衡量重建信号质量的标准:

$$MSE = \frac{1}{N} \sum_{n=0}^{N-1} [f'(n) - f(n)]^2 \quad (8)$$

式中, $f'(n)$ 为重建后信号, $f(n)$ 为原始信号, MSE 为均方误差。在表 1 中给出了当稀疏分解为 30 个原子时,基于 MP 的信号稀疏分解、基于文献[9]的算法和本文算法的相对速度和重建质量的比较。

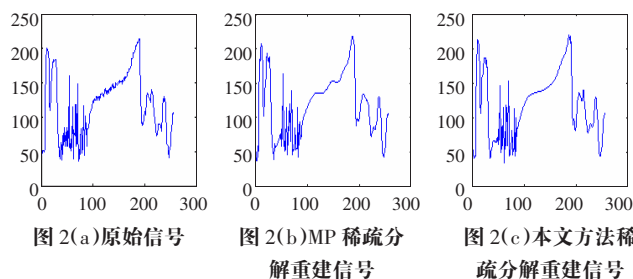
表 1 信号系数分解的相对速度与重建质量比较

算法	信号稀疏分解相对速度比较		信号稀疏分解重建质量比较	
	计算速度(倍)	MSE(均方误差)	计算速度(倍)	MSE(均方误差)
基于 MP 的信号稀疏分解	1	42.081 6	1	42.081 6
MP+GA+原子特性	128*	47.212 2*	128*	47.212 2*
本文方法	172*	47.569 5*	132*	47.002 1*

注:由于遗传算法本身的随机性,这里的倍数、均值方差和峰值信噪比均为平均值

从此可以看出:提出的方法比基于文献[9]所用方法当重建质量差不多时,相对速度有很大提高;当相对速度没有什么大的变化时,重建信号的质量稍差,而从直观效果上来说没有什么变化。但是遗传算法本身是一种智能算法,所以提出的改进算法所求结果在理论上也只能是局部最优,而且具有一定的随机性。

图 2(a)~(c)给出了实际的信号及利用不同方法稀疏分解为 30 个原子后重建的信号,可以看出,重建信号均较好地近似表示了原信号。所使用的方法是基于 MP+GA 的信号稀疏分解的改进算法,MP 算法是基于全局搜索的,重建信号的质量更高,所以基于全局搜索的 MP 稀疏分解(图 2(a))重建信号较所提出的改进方法重建的信号更接近于原始信号,但本文方法重建的信号和其差别很微小,对稀疏分解结果的实际应用并没有什么影响。



实验中用 30 个原子即可表示原始信号,也足以说明这种表示的稀疏性。同时,用 30 个原子即可表示原信号主要特征,表明这种稀疏表示为进行信号处理(如压缩、识别等)提供了极其有利的条件。

参考文献:

- [1] Mallat S,Zhang Z.Matching pursuit with time-frequency dictionaries[J].IEEE Trans on Signal Processing,1993,41(12):3397-3415.
- [2] 张文耀.基于匹配跟踪的低速率语音编码研究[D].中国科学院研究生院(软件研究所),2002.
- [3] Arthur P L,Philipos C L.Voiced/unvoiced speech discrimination in noise using gabor atomic decomposition[C]//Proc of IEEE ICASSP, Hong Kong, April,2003,1:820-828.
- [4] 陶林波,沈健京,韩强.一种解决早熟收敛的自适应遗传算法设计[J].微计算机信息,2006,22(12-1):268-270.
- [5] 温泉彻,彭宏,黎琼.自适应遗传 BP 神经网络模型在统计建模中的应用[J].微计算机信息,2006,22(10-3):130-132.
- [6] Davis L.Handbook of Genetic Algorithms[M].Van Nostrand,1991.
- [7] 华泽星,尹忠科,黄雄华.信号在过完备库上分解中原子形成的快速算法[J].西南交通大学学报,2005,40(3):402-405.
- [8] 尹忠科,王建英,邵君.基于原子库结构特性的信号稀疏分解[J].西南交通大学学报,2005,40(2):174-177.
- [9] 尹忠科,王建英,Vanderghyens P.基于 GA 和原子特性的信号稀疏分解[J].铁道学报,2005,27(3):58-60.
- [10] 上海交大学报,2006,40(5):787-790.
- [8] 曹胜玉,刘来福.非负矩阵分解及其在基因表达数据分析中的应用[J].北京师范大学学报:自然科学版,2007,43(1):30-33.
- [9] 高洪涛,戴冬梅,李通化,等.非负矩阵因子分解法分析苍术的气相色谱-质谱重叠峰[J].分析化学,2006,34(U09):45-48.
- [10] 刘明宇,王珏,郑崇勋,等.应用非负矩阵分解方法提取注意力相关脑电特征[J].生物物理学报,2006,22(1):67-72.
- [11] 舒华,曾红梅.儿童对汉字结构中语音线索的意识及其发展[J].心理学报,1996,28(2):160-165.
- [12] 周晓林,Marslen-Wilson W.汉字形声字声旁的语义加工[J].心理学报,2002,34(1):1-9.
- [13] Zhou X,Marslen-Wilson W.The nature of sublexical processing in reading Chinese characters[J].Journal of Experimental Psychology: Learning, Memory, and Cognition,1999,25(4):819-837.
- [14] Lee D D,Seung H S.Algorithms for non-negative matrix factorization[C]//Leen T K,Dietterich T G,Tresp V.Advances in Neural Information Processing Systems 13,2001:556-562.
- [15] Hoyer P O.Non-negative matrix factorization with sparseness constraints[J].Journal of Machine Learning Research,2004(5):1457-1469.

(上接 78 页)

- [2] 刘维湘,郑南宁,游屈波.非负矩阵分解及其在模式识别中的应用[J].科学通报,2006,51(3):241-250.
- [3] Kawamoto T,Hotta K,Mishima T.Estimation of single tones from chord sounds using non-negative matrix factorization [J].Neural Network World,2000(3):429-436.
- [4] Novak M,Mammone R.Improvement of non-negative matrix factorization based language model using exponential models[C]//IEEE Workshop on Automatic Speech Recognition and Understanding, 2001:190-193.
- [5] Kim S,Rao Y,Erdogmus D,et al.Determining patterns in neural activity for reaching movements using nonnegative matrix factorization[J].EURASIP Journal on Applied Signal Processing,2005(19): 3113-3121.
- [6] Rao N,Shepherd S J.Extracting characteristic patterns from genome-wide expression data by non-negative matrix factorization[C]//2004 IEEE Computational Systems Bioinformatics Conference(CSB'04), 2004:570-571.
- [7] 梁栋,杨杰,卢进军,等.基于非负矩阵分解的隐含语义图像检索[J].