

TSP理论在二维相位解缠的应用

曲小宁, 冯大政, 张妍, 薛海伟

(西安电子科技大学雷达信号处理国家重点实验室, 陕西 西安 710071)

摘要:干涉合成孔径雷达(interference synthetic aperture radar, InSAR)是根据两幅合成孔径雷达(synthetic aperture radar, SAR)图像对应像素点之间的绝对相位差所反映的距离差来获得目标高度的,但由于干涉孔径雷达相位图像的相位差被限制在 $(-\pi, \pi]$ 之间,因此模糊相位的展开是干涉合成孔径雷达信号处理的关键步骤之一。但由于噪声、欠采样等因素的影响,精确的相位展开变得非常困难,而路径跟踪法是一种重要的相位解缠方法,在路径跟踪法中,建立枝切线的长度越短解缠效果最好,因此如何建立枝切线十分重要,本文利用旅行商问题中求解最短路径的方法,提出一种利用改进的遗传算法建立连接正负残差点的最短枝切线,可以有效地避免在解缠过程中“孤岛现象”出现。

关键词:干涉合成孔径雷达; 相位解缠; 旅行商问题; 遗传算法

中图分类号: TN 957

文献标志码: A

DOI: 10.3969/j.issn.1001-506X.2011.04.06

TSP theory in the application of two-dimensional phase unwrapping

QU Xiao-ning, FENG Da-zheng, ZHANG Yan, XUE Hai-wei

(National Laboratory of Radar Signal Processing, Xidian University, Xi'an 710071, China)

Abstract: Interference synthetic aperture radar (InSAR) acquire target's altitude according to the difference in distance which derives from the absolute phase difference between the corresponding pixel points of two synthetic aperture radar (SAR) images. But the phase difference of interference aperture radars is limited in $(-\pi, \pi]$, therefore the phase unwrapping is one of the key steps in InSAR signal processing. Due to the effect of noise and under sampled region, an accurate phase unwrapping has been quite difficult, path following is a major method in phase unwrapping. In the path following, the shorter the cut length is, the better the effect of phase unwrapping is, so how to establish a branch tangent is very important. An improved genetic algorithm is presented to establish the shortest branch tangent connecting the positive and negative residual error points by means of the traveling salesman problem (TSP) approach for solving the shortest path. The experiment result shows that the proposed algorithm can effectively avoid the unwrapping process of "isolated island phenomenon" to happen.

Keywords: interference synthetic aperture radar (InSAR); phase unwrapping; traveling salesman problem (TSP); genetic algorithm

0 引言

干涉合成孔径雷达(interferometric synthetic aperture radar, InSAR)的干涉图相位展开方法有多种,主要分为三类:一类是基于路径跟踪的相位解缠法^[1-4],另一类是最小范数法^[5-6]和网络规划的方法^[7]。近年来,根据干涉相位图中的残差点密度所采用的合成相位解缠算法^[8],对残差点进行四向退化的方法^[9],以及利用多条基线所得到的冗余信息进行的相位解缠的方法^[10-11]也得到了研究并取得了较好的结果。

最常用的相位解缠方法是枝切法,它通过识别干涉图中的残差点并在它们之间建立路径切割线,以防止解缠绕的积分路径穿过这些枝切线,避免局部误差传播到整个图像中去。这种方法速度快,对于残差点较少的区域解缠绕精度较高。在枝切法中,在避开枝切线进行相位积分时,枝

切线附近容易产生解缠的累加误差。但 Goldstein 方法所设置的枝切线未必最短,在相干性、残差点较多的区域,难以选择准确的枝切线,容易形成一个被枝切线包围的孤立区间而无法解缠,即“孤岛现象”。因此如何找到最短的枝切线,可以说是枝切法中的关键一步。

本文提出了利用解决旅行商问题(traveling salesman problem, TSP)的方法求连接图像中所有残差点的路径,使得总的枝切线长度最短,同时这些枝切线不易形成封闭路线,可以避开部分区域无法解缠的现象,通过对仿真和实测数据的解缠运算,本算法能够有效的进行相位解缠。

1 利用 TSP 进行相位解缠

TSP 问题,也称旅行商问题^[12-13],又称货郎担问题,是数学领域中著名的问题之一,它假设有一个图 $G=(V, E)$,其中

V 是顶点集, E 是边集, 设 $D=(d_{ij})$ 是由顶点 i 和顶点 j 之间的距离所组成的距离矩阵, TSP 问题就是求出一条通过所有顶点且每个顶点只通过一次的具有最短距离的回路。

在枝切法相位解缠绕中, 为了能够更好的进行相位展开, 需要使得残差点之间的枝切线达到最短, 可以将求相位解缠看成是一个全局优化的问题, 目的是求出连接正负残差点之间的枝切线的距离最短, 这类最短距离的问题正好类似于图论中的 TSP 问题, 我们可以将干涉图中的残差点看作是 TSP 问题中的城市, 而枝切线正是连接城市的距离, 它们之间唯一的区别是 TSP 是要逐一连接图中的所有城市, 而枝切法是匹配的问题, 需要成对的连接正负残差点, 它可以表示成为

$$Fitness = \sum_i^N [(x_i^+ - x_i^-)^2 + (y_i^+ - y_i^-)^2]^{1/2}$$

式中, (x_i^+, y_i^+) 和 (x_i^-, y_i^-) 分别是正负残差点的坐标。

因此, 利用求解 TSP 的方法, 我们可以求出干涉图中的枝切线。

TSP 问题是一个完全 NP 的问题。在 n 阶完全图中, 共有 $(n-1)!$ 条不同的哈密顿回路。如果用穷举法去寻找一条边权之和最小的哈密顿回路, 计算每一回路的总长度, 需要作 n 个加法, 因此计算总数为 $n!$ 。这在计算上不可行的。而遗传算法是 1975 年由 John Holland 教授提出的。它利用了仿真生物遗传学和自然选择机理, 通过自然选择、交叉、变异等机制实现各个个体适应性的提高。遗传算法在整个进化过程中的遗传操作是随机的, 但它表现出来的特性却并不是完全随机的, 它可以有效地利用上代信息使得下一代群体性能有所提高, 一代一代不断进化, 最终收敛到一个即使不是最优解, 也是非常接近最优解的解空间上。因此利用遗传算法求解 TSP 问题是一种非常有效的方法。遗传算法有主要两类运算: 遗传运算(交叉和变异)及进化运算(选择)。求解 TSP 的遗传算法包括编码、初始种群、适应度函数、选择算子、杂交算子、变异算子等步骤。从 TSP 的遗传算法的求解过程来看, 遗传和进化的目的是每一个种子的适应度值逐步向目标值逼近的过程, 这个逼近的过程快慢与初始群种的每个种子的适应度值和本身如何设计有关。

本文利用改进的遗传算法在干涉图求解枝切线, 求出连接所有残差点的一条最短路径。其具体过程如下: 首先, 在相干图像上识别残差点, 并将正负残差点分别标记“+1”和“-1”的极性。如果整体残差点的极性不平衡, 则通过增加最靠近残差点的边界点作为残差点达到残差点整体的极性平衡。然后, 通过遗传算法求得连接所有残差点的一条最短路径。具体步骤是:

步骤 1 编码: 编码是遗传算法求解问题的前提, 我们对个体的编码采用路径表示法, 即以 n 个残差点的遍历次序作为个体的编码。首先利用 n 个正残差点作为基因建立正染色体, 然后对应每个负残差点作为基因建立负的染色体。正负染色体相对应基因的距离和即为干涉图的枝切线长度。

$$Fitness = d_1 + d_2 + d_3 + \dots + d_n$$

步骤 2 初始种群: 我们将正染色体基因顺序固定不动, 利用近邻法产生相其对应的负染色体, 因为近邻法和初始的起点有关, 通过随机挑选正染色体中的初始点来产生

不同的负染色体, 由此产生的负染色体数组可以看作是初始种群。

步骤 3 选择策略: 选择策略是遗传算法的重要一步, 它能从当前种群中找到合适的染色体并保留到下一代中, 我们这里运用基于群体相似度的种群更新机制, 既能使种群保持较好的多样性, 以提高遗传算法的性能, 又能将合适的染色体并保留到下一代。

步骤 4 交叉因子: 随机从种群中选出两条父代染色体, 比较其和正染色体相对应位置上基因的距离, 选择两者中距离短的基因留下产生子代染色体, 对于交叉过程中遗失的基因, 则利用最短近邻法添加进子染色体中同时删去重复的基因。

步骤 5 变异因子: 在父染色体中随机选取两个基因, 并计算其和相对应位置正染色体的距离和, 如果交叉后的距离减小, 则两基因交叉, 否则不变。

通过上面这几步, 进化一定的代数, 我们求出距离和最短的负染色体, 并连接正染色体相对应的基因所代表的残差点, 则可以得到优化了的枝切线。最后, 对完成路径分割的二维干涉相位图进行积分解缠, 积分的过程中要避开枝切线。

该方法考虑了整体的枝切线长度最短, 通过优化算法, 生成较短的全局路径。并且考虑了分割路径的极性平衡的, 由路径引起的解缠误差更小, 也不会形成孤立的未解缠区域, 提高了相位解缠的精度。

2 实验结果及分析

2.1 仿真实验

真实相位曲面(俯视图 128×128)由 Matlab 软件中 peaks 函数产生, 其真实相位图如图 1。实验中产生视相干系数为 0.9, 分布在区间 $[-b, b]$ 的均匀噪声, 它对应的噪声标准差为 0.650 0 rad(方差为 0.422 5 rad²), 很容易求出 $b=1.125 8$ rad。图 2 是对加入噪声的曲面进行缠绕后的相位。图 3 表示的是仿真数据的残差点图。

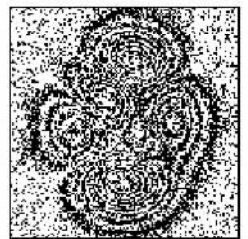
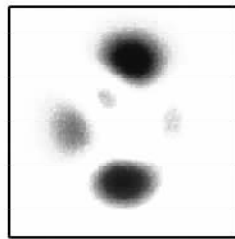


图 1 模拟数据真实相位 图 2 加入噪声后缠绕后相位

图 4 是利用 Goldstein 方法建立的枝切线, 图 5 是利用本文方法建立的枝切线, 通过对比可以看出, 使用 Goldstein 法建立的枝切线长度较长, 且在残差点密集的部分枝切线形成了环路, 而利用本文的方法连接正负残差点, 不仅枝切线的长度较短, 且没有环路, 在进行相位解缠的时候效果更好, 图 6 是利用本文方法恢复的结果, 其很好的恢复了原始图像。在运算时间上, 由于残差点的总数较少, 只有 713 个, 本文方法耗时基本与 Goldstein 法相当, 表 1 是两者运算时间的比较(运算条件: Core2 E4400 2.0G, 2G 内存)。

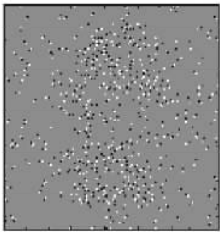


图 3 残差点图

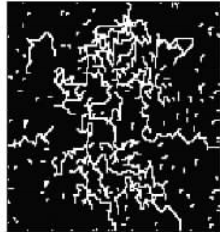


图 4 Goldstein 法



图 5 本文方法

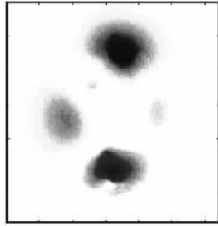


图 6 本文方法展开的相位图

表 1 仿真数据运行时间比较

| 方法 | 运算时间/s |
|-------------|--------|
| Goldstein 法 | 2.8 |
| 本文方法 | 3.2 |

2.2 实测数据实验

这里所采用的实测数据为经 Wu 自适应方向窗滤波器^[14]滤波后的 Etna 火山干涉图,大小为 1 024×1 024,如图 7 所示。图 8 表示实测数据的残差图,其中白点表示正残差点,黑点表示负残差点,和图 7 相比较可知,残差点密度较大的区域分布在干涉条纹不清晰的区域。

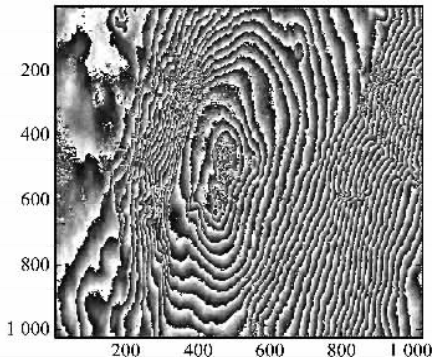


图 7 实测数据的干涉相位图

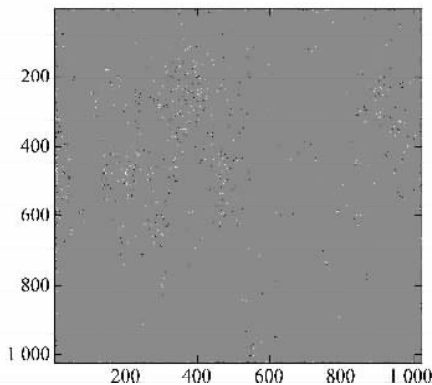


图 8 实测数据的残差图

图 9 是利用 Goldstein 法建立的枝切线,图 10 是利用本文方法所建立的枝切线,可以明显看出前者长度比后者要长且在残差点密度大的部分形成了闭合的环路。

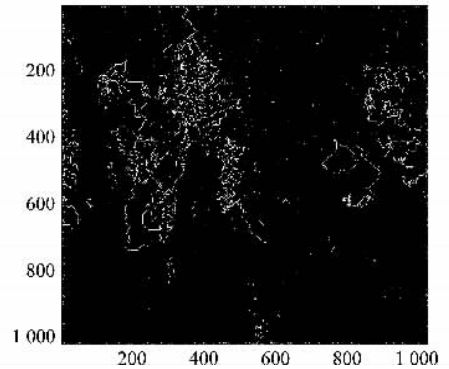


图 9 利用 Goldstein 法建立的枝切线

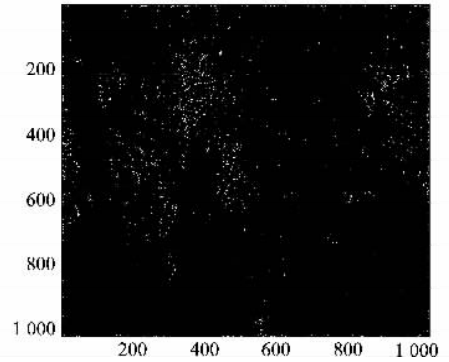


图 10 利用本文方法建立的枝切线

图 11 是利用 Goldstein 法展开的相位,图 12 是利用本文方法展开的结果,而表 2 是两者运算时间的比较,可以看到在图像尺寸较大,且残差点数量很多的情况时,本文方法的运算时间稍长(运算条件:Core2 E4400 2.0G,2G 内存),但 Goldstein 法在残差点密集的地方由于建立枝切线时形成环路,切线包围的孤立区间无法进行解缠,形成了空洞,而本文方法虽然在残差点密集的区域相位展开的效果下降,但并没有出现未进行相位展开的孤立区域,且相位被较好的恢复。

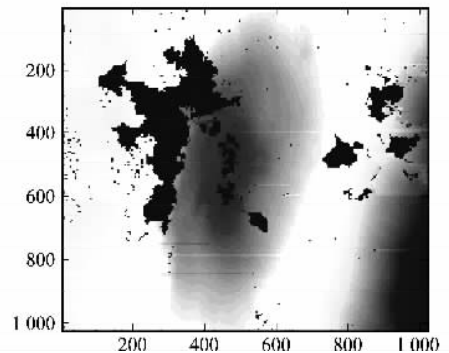


图 11 利用 Goldstein 法展开的相位

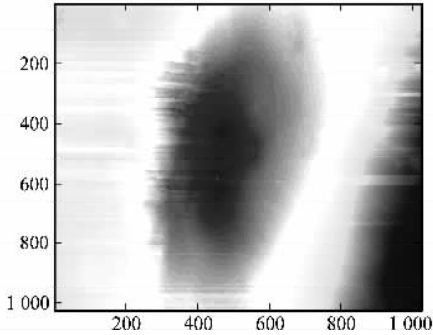


图 12 利用本文方法展开的相位

表 2 实测数据运行时间比较

| 方法 | 运算时间/s |
|-------------|--------|
| Goldstein 法 | 167 |
| 本文方法 | 238 |

3 结束语

本文将图论中的 TSP 知识运用到干涉 SAR 相位解缠中,提出了利用改进的遗传算法求解最短枝切距离的方法,通过仿真和实际数据的解缠计算证明这种方法的有效性,遗传算法作为一种优化算法是一个不断寻优的过程,最终的优化结果即使不是最优也是接近最优,与初始种群的基因排列顺序无关,但大量的进化会带来计算量的增加,因此算法的收敛性能非常重要,本文采用改进的遗传算法具有良好的收敛特性。此外由于枝切法本身对残差点的密度非常敏感,在密度大的区域相位展开的效果较差,可以通过与其他方法相结合,对残差点密集区的加以处理来达到更好的解缠效果。

参考文献:

[1] Goldstein R M, Zebker H A, Werner C L. Satellite radar interferometry: two dimensional phase unwrapping[J]. *Radio Science*, 1988, 23(4): 713 - 720.

[2] Bioucas-Dias J M, Valadao G. Phase unwrapping via graph cuts[J]. *IEEE Trans. on Image Processing*, 2007, 16(3): 698 - 709.

[3] 魏志强, 金亚秋. 基于蚁群算法的干涉 SAR 相位展开算法[J].

电子与信息学报, 2008, 30(3): 518 - 523. (Wei Z Q, Jin Y Q. InSAR phase unwrapping algorithm based on ant colony algorithm [J]. *Journal of Electronics & Information Technology*, 2008, 30(3): 518 - 523.)

[4] Karout S, Gdeisat M, Burton D, et al. Two-dimensional phase unwrapping using a hybrid genetic algorithm [J]. *Applied Optics*, 2007, 46(5): 730 - 743.

[5] Fornaro G, Sansosti E A. Two dimensional region growing least squares phase unwrapping algorithm for interferometric SAR [J]. *IEEE Trans. on Geoscience Remote Sensing*, 1999, 37(5): 2215 - 2226.

[6] Zebker H A, Lu Y. Phase unwrapping algorithms for radar interferometry: residue-cut, least-squares and synthesis algorithms [J]. *Journal of the Optical Society of America A*, 1998, 15(3): 586 - 598.

[7] Costantini M. A novel phase unwrapping method based on network programming [J]. *IEEE Trans. on Geoscience Remote Sensing*, 1998, 36(3): 813 - 821.

[8] 武楠, 冯大政, 刘宝泉. 一种基于枝切法和有限元法的干涉 SAR 合成相位展开方法 [J]. *电子信息学报*, 2007, 29(4): 846 - 850. (Wu N, Feng D Z, Liu B Q. A phase unwrapping approach based on the branch-cut method and finite element method for interferometric SAR [J]. *Journal of Electronics & Information Technology*, 2007, 29(4): 846 - 850.)

[9] Hirose Y R. A singularity spreading phase unwrapping [J]. *IEEE Trans. on Remote Sensing*, 2007, 45(10): 3240 - 3250.

[10] Fornaro G, Guarnieri A M. Maximum likelihood multi-baseline SAR interferometry [J]. *IEE Proc-Radar Sonar Navig*, 2006, 153(3): 279 - 288.

[11] Li Z F, Bao Z, Suo Z Y. A joint image coregistration, phase noise suppression, and phase unwrapping method based on subspace projection for multibaseline InSAR systems [J]. *IEEE Trans. on Remote Sensing*, 2007, 45(3): 584 - 591.

[12] Tan K C, Tang H, Ge S S. On parameter settings of hopfield networks applied to traveling salesman problems [J]. *IEEE Trans. on Circuits and Systems*, 2005, 52(5): 994 - 1002.

[13] Thede S M. An introduction to genetic algorithms [J]. *Journal of Computing Sciences in Colleges*, 2004, 20(1): 61 - 65.

[14] Wu N, Feng D Z, Li J X. A locally adaptive filter of interferometric phase images [J]. *IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing Letters*, 2006, 3(1): 73 - 77.