

## 摘要

人脸识别是生物特征识别技术的一个重要研究方向，它与传统的身份识别方法完全不同，具有更高的安全性、可靠性和有效性，因此人脸识别已成为模式识别和人工智能领域的研究热点。在公共安全、证件验证、门禁系统、视频监视等领域中都有着广泛的应用前景。

本文是在主成分分析(PCA)法的基础上做人脸特征提取和识别的算法研究，主要工作是采用遗传算法和克隆选择算法对 PCA 变换后的特征空间进行优化选取，并在此基础上实现了基于遗传和克隆选择算法的人脸识别。主要研究工作有以下两点：

(1) 在人脸图像的特征提取上，PCA 方法只是简单的选择那些较大特征值所对应的特征矢量，而这些特征矢量组成的特征空间并不一定最有利于分类识别，因此识别效果不够理想。针对主成分分析法对特征空间选取的局限性，本文深入研究了 PCA 变换与遗传算法相结合的特征提取方法。该方法充分利用了遗传算法的全局寻优能力，对 PCA 变换得到的特征空间进行优化选取，以构成最有利于分类的特征子空间。实验结果表明：遗传算法与 PCA 相结合的特征提取方法有效地克服了主成分分析法对特征空间选取的局限性，提高了识别率。

(2) 针对遗传算法早熟现象和收敛速度慢等缺点，本文提出了一种 PCA 变换与克隆选择算法相结合的特征提取方法。克隆选择算法以其记忆性、多样性和特异性的优势，在搜索过程中表现出比传统进化算法更为优异的全局寻优性能。将克隆选择算法应用到人脸特征空间的自动选择，并通过识别率验证该思想的可行性。实验结果表明克隆选择算法应用于人脸的特征空间选择能够取得比经典 PCA 算法更为优异的效果，且其稳定性、降维效果和识别率等性能更优于标准遗传算法。

综上所述，遗传和克隆选择算法与 PCA 相结合的特征提取方法在特征空间选取上具有可信性与正确性，为人脸识别的后续研究奠定了良好的基

础。

**关键词：** 主成分分析(PCA); 遗传算法; 克隆选择算法; 特征选择

## ABSTRACT

Face Recognition is an important research direction of biometric recognition techniques. It is totally different from traditional identification methods which has high security, reliability and effectiveness. Therefore, face recognition has become the hot research spots of pattern recognition and artificial intelligence. It has a wide range of applications in public safety, identification of certificate, access control systems, video surveillance and other fields.

This paper presents the method of the feature extraction and recognition of face image based on the PCA. The task is the best choice of the parameter for face recognition in the feature space after PCA transform by the clone and genetic algorithm. The main task is as follows:

Firstly, in the method of feature extraction of face image, PCA is a simple method to select feature vectors that have larger Eigen value, but those features may not most conducive to identification and can't have the satisfactory results. According to the limitations of the choice in feature space of the PCA, this paper researches one method of feature extraction which is combined the PCA with genetic algorithm. This method is full use of the ability of seeking the best feature globally that is best selected in the feature space after PCA transform to form the effective subspace for the classification. The experimental result shows that the method of feature extraction combining the genetic algorithm and PCA overcomes effectively the limitations for the choice of the feature space of the PCA and increases the ratio of recognition.

This paper proposes another method of feature extraction combining the PCA and clone selection algorithm, according to the pre-maturity and the slow convergence of the genetic algorithm. The clone selection algorithm has

advantages of memory, diversity and specific, and its shows much better performance in global optimization than traditional algorithm during the search process. The clone selection algorithm is applied in the choice of the face feature space automatically, and proved the feasibility of this method by the ratio of recognition. The experimental result shows that the clone selection algorithm has the better effect than the typical PCA, and other performances such as, its stability, the effect of the decreasing the dimension, the ratio of recognition are also better than the standard genetic algorithm.

As is stated, the clone and genetic algorithm with a combination of PCA method is accuracy and credibility algorithm in the selection of feature space, and it laid a good foundation of follow study on the face recognition.

**Key words:** principal component analysis (PCA); genetic algorithm; clone selection algorithm; feature selection

## 哈尔滨工程大学 学位论文原创性声明

本人郑重声明：本论文的所有工作，是在导师的指导下，由作者本人独立完成的。有关观点、方法、数据和文献的引用已在文中指出，并与参考文献相对应。除文中已注明引用的内容外，本论文不包含任何其他个人或集体已经公开发表的作品成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中以明确方式标明。本人完全意识到本声明的法律结果由本人承担。

作者（签字）：王帆

日期：2009年1月16日

## 哈尔滨工程大学 学位论文授权使用声明

本人完全了解学校保护知识产权的有关规定，即研究生在校攻读学位期间论文工作的知识产权属于哈尔滨工程大学。哈尔滨工程大学有权保留并向国家有关部门或机构送交论文的复印件。本人允许哈尔滨工程大学将论文的部分或全部内容编入有关数据库进行检索，可采用影印、缩印或扫描等复制手段保存和汇编本学位论文，可以公布论文的全部内容。同时本人保证毕业后结合学位论文研究课题再撰写的论文一律注明作者第一署名单位为哈尔滨工程大学。涉密学位论文待解密后适用本声明。

本论文在授予学位后即可 在授予学位12个月后 解密后）由哈尔滨工程大学送交有关部门进行保存、汇编等。

作者（签字）：王帆

导师（签字）：王春峰

日期：2009年1月16日

2009年1月16日

## 第1章 绪论

### 1.1 课题意义

随着网络及信息化技术的大量普及，在人机交互技术、自动身份验证、银行安全、以及司法刑侦等各方面都迫切希望能够进行快速、有效、稳定的身份验证。而生物特征是人的内在属性，具有很强的自身稳定性，因此采用生物特征来识别是身份验证的最理想依据。近几年来随着计算机技术的迅速发展，计算机已经能利用人脸、瞳孔、掌纹、指纹、笔迹及声音来验证身份。其中人脸识别技术凭借其识别速度快、不要求用户与设备进行物理接触等优点，易于为广大用户所接受。人脸识别技术是生物识别技术中的一个重要课题具有极其广泛的应用前景<sup>[1]</sup>。

人脸识别技术是一个非常活跃的研究领域<sup>[2]</sup>，它覆盖了数字图像处理、模式识别、计算机视觉、神经网络、心理学、生理学、数学等诸多学科的内容。人脸识别与指纹识别、视网膜识别、虹膜识别、基因识别等其它人体生物特征识别系统相比，有着更加直接、友好、能使被识别者无心理障碍等特点。同时，与其它识别系统相比，人脸识别具有主动性、非侵犯性和用户友好等许多优点，人脸识别系统还能够通过人脸的表情等获得更多的信息。这使得人脸识别在公安、海关、银行、机场等领域有着潜在的应用空间。

如今，虽然在人脸识别的研究已经取得了一些可喜的成果，但是在实际应用中仍面临着很严峻的问题，因为人脸五官的分布是非常相似的，而且人脸本身又是一个柔性物体，表情、姿态或发型、化妆的千变万化都给正确识别带来了相当大的麻烦。如何能正确识别大量的人脸并满足实时性要求是迫切需要解决的问题。因此，人脸识别也成为一项极具挑战性的研究课题。

### 1.2 课题的国内外研究现状

#### 1.2.1 人脸识别的国内外研究现状

早在上世纪六、七十年代，人脸识别技术就引起了研究者的浓厚兴趣。

进入九十年代之后，由于高速度高性能的计算机的出现，人脸识别技术取得了重大进展。而自美国发生“9.11”事件以后，人脸识别在信息安全领域的作用逐渐显现出来，人脸识别技术受到了前所未有的重视。

国内外对于人脸识别的研究发展，技术趋势分别经历了三个阶段：机械式的识别阶段、机器自动识别初级阶段、机器自动识别高级阶段。

第一阶段以 Bertillon, Allen 和 Parke 为代表，主要研究人脸识别所需要的面部特征。在 Bertillon 的系统中，用一个简单的语句与数据库中某一张脸相联系，同时与指纹分析相结合，提供了一个较强的识别系统。为了提高脸部识别率，Allen<sup>[3]</sup> 为待识别人脸设计了一种有效和逼真的摹写，Parkel<sup>[4]</sup> 用计算机实现了这一想法，并产生了较高质量的人脸灰度图模型。这一阶段工作的特点是识别过程全部依赖于操作人员，显然这不是一种可以完全自动识别的系统。

第二阶段是人机交互式识别阶段。代表性工作有：Goldstion, Harmon 和 Lesk 用几何特征参数来表示人脸正面图像<sup>[5]</sup>。他们采用 21 维特征矢量表示人脸面部特征，并设计了基于这一特征表示法的识别系统。Kaya 和 Kobayashi 则采用了统计识别方法，用欧氏距离来表征人脸特征<sup>[6]</sup>，如嘴唇与鼻之间的距离，嘴唇的高度等。更进一步地，Kanad 设计了一个高速且有一定知识导引的半自动回溯识别系统，创造性地运用积分投影法从单幅图像上计算出一组脸部特征参数，再利用模式分类技术与标准人脸相匹配。Kanad 的系统实现了快速、实时的处理，是一个很大的进步。但这类方法需要利用操作员的某些先验知识，仍然摆脱不了人的干预。

第三阶段是真正的机器自动识别阶段。由于生产、生活各方面对人脸识别系统日益迫切的需求，以及计算机技术、图像处理、模式识别技术的发展成熟，人脸识别方法有了较大的突破。这一阶段，人们提出了很多人脸自动识别的方法。

进入 90 年代，对人脸识别方法的研究重新变得非常热门，吸引了大量的研究人员和基金支持。美国，日本，英国，以色列，意大利等经济发达国家

和发展中国家如印度等国都有专门的研究组进行这方面的研究。国内很多教学科研机构都有人员从事人脸识别的相关研究。到目前为止，人脸识别工作已经进行了 20 多年，但是仍然面临着种种困难，其中主要有人脸图像中人脸角度变化，遮挡引入，以及光照变化，图像质量间的差异等造成识别率下降的问题。

### 1.2.2 克隆选择算法的国内外研究现状

近年来，由仿生学带动的信息科学的发展越来越受到人们的重视。如人工神经元网络，遗传算法等都有着非常广泛的应用。人们不断地模拟生物体的各种优秀特性并演变出新颖的计算机算法。其中，生物体的免疫系统以其记忆性、多样性和特异性的优势被引入到计算机科学领域中。

早在 1958 年，Burnet 等人便提出了免疫系统的克隆选择学说，该学说认为抗体是天然产物，以受体的形式存在于细胞表面，抗原可与其选择性地反应。抗原与相应抗体受体的反应可导致细胞克隆增殖，该群体具有相同的抗体特异性，其中某些细胞克隆分化为抗体生成细胞，通过抗体基因频繁的变异和编辑，再经过免疫后得到改善，即亲和力成熟。另一些则形成免疫记忆细胞以便参加之后的二次免疫反应<sup>[7]</sup>。这个理论揭示了免疫系统的很多优秀特性，逐渐引起了计算机科学家的重视并开始用计算机模拟免疫系统。

克隆选择概念最初在优化问题领域中应用广泛。最早注意到克隆选择在函数优化问题上的应用价值的是 Bersini。1990 年他提出一种免疫补充机制<sup>[8]</sup>，该方法模仿免疫系统的启发式动态过程，通过不断产生新个体，用于求解函数的全局优化问题，获得了较好效果。

1996 年，Hightower<sup>[9]</sup>在对抗体基因库和免疫多样性的研究过程中，从 Baldwin 效应的角度，考察了抗体的优化过程。文中指出 B 细胞的克隆选择能够产生类似 Baldwin 效应，即：能够以更大的可能，将部分细胞或抗体获得的良好特性传递给下一代，使得后代抗体的亲和力快速提高，在抗体多样性的产生和抗体优化过程中起到重要的作用。该文证明了克隆选择过程具有

较强的优化能力。

1997 年, Chun<sup>[10]</sup>将克隆选择算法用于 Rosenbrock 和 sinc 等函数优化问题以及永磁同步电机的表面设计。结果显示, 利用该算法进行复杂多模态函数优化, 效果比普通进化算法要好。

2001 年 Timms<sup>[11]</sup>等人在 *B* 细胞网络理论和克隆选择原理的基础上, 提出一种新的函数优化方法。该方法利用 *B* 细胞网络, 通过细胞间的相互作用实现 *B* 细胞自组织记忆, 用克隆选择实现 *B* 细胞模式进化更新。仿真结果表明, 将克隆选择方法与免疫网络相结合, 能够有效减少计算冗余, 节约计算资源。

2002 年 Carlos<sup>[12]</sup>等人以克隆选择为核心构造一种人工免疫系统, 用于求解多目标函数优化问题, 并与三种有代表意义的多目标函数进化优化方法比较, 仿真结果显示, 基于克隆选择的方法能够搜索和保存更多的 Pareto 解。同年, 杜海峰<sup>[13]</sup>将克隆选择原理应用于函数优化问题求解, 并对算法的全局收敛性进行了分析。

克隆选择方法具有较好的优化性能, 它作为一种崭新的优化方法逐渐引起了人们的注意, 最近几年在模式识别领域中也逐渐得到应用, 不过由于起步较晚, 其应用研究的深度和广度还有待于进一步加强。

2003 年, De Castro<sup>[14, 15]</sup>等人对克隆选择机理进一步浓缩和概括, 提出一种较为简洁的克隆算法。该算法包括一组抗原、一组 *B* 细胞/抗体、一组记忆细胞。其基本操作是 *B* 细胞的高变异克隆增生、最优模式的选择记忆。

2004 年, Yaoguang<sup>[16]</sup>等人利用克隆选择算法对锅炉加热状态进行识别, 结果表明, 所建立的模型能够对锅炉的不同热状态进行很好的区分识别, 证明了克隆算法具有很好的自学习和自适应能力。

后来, 吴泽俊<sup>[17]</sup>等人提出了一种基于免疫的克隆选择算法。该算法采用一种新的基因型与表现型的表达方式, 利用全新的匹配方法, 引入反向选择算子, 对人工免疫模型进行了有效的改进。

这些成果显示了克隆选择原理对于信息处理和问题求解具有广阔的应用前景。然而克隆选择原理在人脸识别中的应用, 还尚未见报导。

## 1.3 人脸识别的内容

### 1.3.1 人脸识别的研究内容

人脸识别的研究内容主要包括以下四个方面：

(1) 人脸检测(Face Detection): 主要任务是判断给定的图像中是否存在人脸，如果存在，则进一步确定人脸的位置、大小和数量。

(2) 图像的预处理：主要是对采集到的图像进行各种处理，比如灰度变换、二值化、图像分割等。

(3) 特征提取(Feature Extraction): 采用某种方法表示出数据库中的已知人脸和检测出的人脸，通常的方法有几何特征、代数特征、固定特征模板等。

(4) 人脸识别(Face Recognition): 识别的任务是将待检测的人脸与系统已经建立的人脸数据库进行比较，找出最相似的人脸，从而识别出待检测人脸的身份。

在这四个方面中，特征提取和识别是研究的重点，人脸识别的研究难点也是这两个方面。人脸识别的主要技术难点可以概括为以下两点：

(1) 人脸的相似性，因为所有的人脸都具有相似的结构，而且纹理上也比较接近，因而在识别的时候必须把握住不同人脸之间很细微的特征差别，才能实现识别。

(2) 人脸的非刚体性，同一个人脸在不同光照、不同姿态、不同表情、不同大小等条件下所获的图像就有很大的差异，更不用说发型、姿态和年龄的增长等所带来的变化了，所以要获得在各种条件影响下，仍然不变的人脸描述模型是极其困难的。

### 1.3.2 特征提取和识别的方法

人脸特征的提取是人脸识别的关键，它直接影响人脸识别的效率。特征提取之前一般需要做几何归一化和灰度归一化的工作。根据人脸提取方式的不同，人脸的特征提取可分为以下四种。

(1) 基于几何特征的人脸特征的提取：人脸由眼睛、鼻子、嘴、下巴等部

件构成，对这些部件和结构关系的几何描述，可作为识别人脸的重要特征。这类方法也有不少，如基于面部几何特征点提取方法，该方法是利用特征点构造出人脸的特征向量，这些特征向量具有位置、视点、大小等不变性。基于几何特征的方法提取过程中过多的依赖于先验知识，通常需要与其他算法结合才能有比较好的效果。

(2) 基于统计方法的人脸特征的提取：统计方法是人脸识别应用最多的一种特征提取方法，基于主元分析(PCA)的特征脸方法将人脸图像数据拉成一个矢量<sup>[18]</sup>，由训练样本协方差矩阵的特征向量构成一个人脸特征空间，将输入人脸图像投影到此空间所得到的投影系数即为脸的代数特征表示。除了基于PCA的特征脸方法外，还有基于独立主分量分析、线性判别分析和基于核的子空间等方法。

(3) 变换域提取特征方法<sup>[19, 20]</sup>：采用Gabor变换等变换提取人脸特征，通过将人脸图像与不同尺度、不同方向的Gabor变换卷积得到的数据，即为人脸特征矢量，然后结合其它方法进行人脸识别。

(4) 神经网络提取特征方法<sup>[21]</sup>：Cottrell采用的基于BP神经网络的人脸识别方法分两步进行：首先用一个结构为4096个输入神经元、80个隐层神经元、4096个输出神经元的神经网络来进行人脸特征的提取，通过训练神经网络使得输入与输出保持一致，即完成自联想功能，从而隐层神经元对输入人脸的响应即被作为该人脸的特征，此时再执行第二步，将该特征输入给一个两层神经网络来完成最终识别，其输出不但有人的类别还包括性别与表情。由于这种方法计算量非常大，因此后期的围绕BP神经网络的人脸识别方法都将初步的人脸图像特征提取改用其它方法。除了以上方法，还有自组织神经网络特征提取等方法。

最后进行人脸识别。数据库里预先存放了已知的人脸图像或有关的特征值，识别的目的就是将待识别的图像或特征与库中的人脸进行匹配。识别的任务主要有两个：一个是人脸辨认，即确定输入图像究竟是库中的哪一个人，这是一对多的匹配过程；另一个是人脸证实，即验证某个人的身份是否属实，

这是一对一的匹配过程。根据输入图像的性质，可以将人脸识别分为静态图像的人脸识别和动态图像序列的人脸识别两大类。前者主要是用静态图像如从证件照片、罪犯照片、场景照片上扫描的图像进行识别，后者则是用摄像机摄取的时间图像序列进行识别。

## 1.4 课题研究内容及论文安排

论文主要研究人脸识别算法中比较经典的 PCA 算法，针对 PCA 算法在人脸特征提取上的局限性，提出了遗传算法、克隆选择算法与 PCA 相结合的特征提取方法，然后将这两种方法与 PCA 方法进行实验对比，验证了本文方法的有效性。

综合上述研究内容，本论文具体安排如下：

第 1 章，绪论。介绍了本课题研究的背景、目的和意义。简要阐述了人脸识别的国内外发展现状和常用方法，最后说明论文的主要研究工作和内容安排。

第 2 章，基于 K-L 变换的主成分分析。针对人脸图像维数过高给人脸识别带来的困难，本章研究有效的数据降维方法——主成分分析(PCA)法。论文首先研究了 PCA 特征提取的基本原理及在人脸识别中的应用，其次介绍了分类器的设计，最后通过 PCA 方法对特征向量提取的实验，表明该方法虽然降维效果好，但对特征空间的选择具有一定的局限性。

第 3 章，遗传算法在人脸识别中的应用。由于 PCA 方法在特征提取上具有局限性，因此本章研究并实现了采用遗传算法与 PCA 相结合的特征提取方法对特征空间进行优化选取。论文首先阐述遗传算法的原理，重点介绍遗传算法与 PCA 相结合的特征提取方法的原理及实现步骤，并通过仿真实验与传统的 PCA 方法比较，验证遗传算法用于特征空间选取的有效性。

第 4 章，克隆选择算法在人脸识别中的应用。针对遗传算法容易出现早熟和收敛速度慢等问题，提出了一种采用克隆选择算法与 PCA 相结合的特征提取方法。克隆选择算法以其记忆性、多样性和特异性的优势，在搜索过程

中表现出比传统进化算法更为优异的全局寻优性能。本章首先介绍克隆选择算法的原理，重点研究本文提出的基于克隆选择算法的人脸特征提取的原理及实现步骤，最后采用 ORL 人脸数据库对该方法进行仿真实验，验证了克隆选择算法在特征提取上的有效性。

第 5 章，实验结果对比与分析。采用 ORL 和 Yale 人脸库，在不同条件下实现了 PCA、PCA 与遗传算法、克隆选择算法相结合的特征提取方法，将三种方法的实验结果进行对比，从而验证了克隆选择算法在降维有效性和识别率方面均有较好的性能。

最后本论文将总结归纳作者一年来在人脸识别研究中所作的工作，并对人脸识别的未来发展进行展望。

## 第2章 基于K-L变换的主成分分析

主成分分析(PCA Principle Component Analysis)方法用最广泛的一种特征提取方法之一，在信号处理、模式识别、数字图像处理等领域已经得到广泛的应用。PCA 方法在降维和特征提取方面效果很好，这使它在人脸识别领域也得到广泛的应用，其识别率从 70%—100% 不等，这取决于人脸库中图像的质量。主成分分析方法的基本思想是提取出空间原始数据中的主要特征(主元)，减少数据冗余，使得数据在一个低维的特征空间被处理，同时保持原始数据的绝大部分的信息，从而解决数据空间维数过高问题。

### 2.1 主成分分析法的基本原理

主成分分析(PCA)方法是麻省理工学院 M.Turk 和 A.Pentland 于 1991 年提出的，直到现在，它仍然是最广泛应用的人脸识别算法<sup>[22-24]</sup>。PCA 方法的基本原理是利用 K-L 变换抽取人脸的主要成分，构成特征脸空间，识别时将测试图像投影到此空间，得到一组投影系数，通过与各个人脸图像比较进行识别。

主成分分析法(PCA)在人脸识别领域成功应用的一个重要理论基础是较好的解决了 K-L 变换后协方差矩阵的特征向量的求解问题。人脸识别是一个典型的高维小样本问题，即人脸图像向量的维数一般较高，比如，实验用的 ORL 人脸库的图像大小为  $112 \times 92$  的灰度图像，其对应的图像向量特征空间高达 10304 维，在如此高维的图像空间内，按照通常的算法，计算样本的协方差矩阵的特征向量是异常耗时的。同时，在人脸识别问题中，由于客观条件的限制，训练样本的数目一般较小，通常，训练样本的总数远远小于人脸图像向量的维数。针对高维小样本的情况，求解特征向量所采取算法的基本思想是，将高维的问题转化为低维的问题加以解决。

PCA 算法的基本原理为：

令  $\mathbf{x}$  为  $m$  维随机向量。假设  $\mathbf{x}$  均值为零，即：  $E[\mathbf{x}] = 0$ 。

令  $w$  表示为  $m$  维单位向量, 将  $x$  在其上投影, 这个投影被定义为向量  $x$  和  $w$  的内积, 表示为:

$$y = \sum_{k=1}^n w_k x_k = w^T x \quad (2-1)$$

满足约束条件:

$$\sqrt{(w^T w)} = 1 \quad (2-2)$$

而主成分分析的目的就是寻找一个权值向量  $w$  使得表达式  $E[y^2]$  的值最大化:

$$E[y^2] = E[(w^T x)^2] = w^T E[x x^T] w \quad (2-3)$$

根据线性代数的理论, 可以知道满足式子值最大化的  $w$  应该满足下式:

$$C_x w_j = \lambda_j w_j, j = 1, 2, \dots, p \quad (2-4)$$

即使得上述式子最大化的  $w$  是矩阵  $C_x$  的最大特征值所对应的特征向量。

## 2.2 主成分分析在人脸识别中的应用

在人脸识别中, 可利用 PCA 对人脸进行特征提取和特征选择<sup>[25, 26]</sup>。PCA 算法将人脸图像区域看作一种随机向量, 利用 K-L 变换得到正交变换基, 对应较大的特征值的基底具有与人脸相似的形状。PCA 算法利用这些基底的线性组合来描述、表达人脸和逼近人脸, 实现人脸图像的特征提取和特征选择, 从而提高人脸的识别和重建的效率。人脸识别就是把待识别的人脸映射到由特征脸张成的子空间中, 与库中人脸的子空间位置进行比较。人脸的重建就是根据待识别别人脸在子空间的位置, 还原到人脸空间中。但单一的 PCA 算法的识别率并不高, 因此通常可以在 PCA 基础上结合其它算法进行人脸的特征选择, 以提高识别率。

### 2.2.1 主成分分析应用于人脸识别的原理

PCA 是模式识别中一种有效的特征提取方法。将人脸图像表示成一个列

向量, 经过 PCA 变换后, 不仅可以有效地降低其维数, 同时又保留所需要的识别信息, 这些信息对光照、表情以及姿态具有一定的不敏感性。

下面介绍 PCA 应用于人脸识别的基本原理。

将  $M$  幅人脸图像作为训练样本, 每幅图像都以列串联的方式表示成  $M$  个列向量,  $\mathbf{X}_i$  为第  $i$  幅人脸图像形成的列向量, 训练样本的平均向量为:

$$\mu = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \mathbf{X}_i \quad (2-5)$$

则训练样本的协方差矩阵为:

$$\mathbf{C} = \sum_{i=1}^M (\mathbf{X}_i - \mu)(\mathbf{X}_i - \mu)^T \quad (2-6)$$

其中,

$$\mathbf{A} = [\mathbf{X}_1 - \mu, \mathbf{X}_2 - \mu, \dots, \mathbf{X}_M - \mu]$$

存在一组正交矩阵  $\mathbf{U}$  和  $\mathbf{V}$ , 使得:

$$\mathbf{A}^T \mathbf{A} \mathbf{V} = \lambda \mathbf{V} \quad (2-7)$$

将(2-7)式的左右两边同时乘以  $\mathbf{A}$ , 则变为:

$$\mathbf{A}(\mathbf{A}^T \mathbf{A}) \mathbf{V} = \lambda \mathbf{A} \mathbf{V} \quad (2-8)$$

其中令  $\mathbf{U} = \mathbf{A} \mathbf{V}$ ,  $\mathbf{U}$  为特征脸空间。

令每一张人脸列向量映射到特征脸空间得到映射权值  $\phi_i$ 。其中  $\phi_i$  可以看成是人脸图像  $\mathbf{X}_i$  的特征。

$$\phi_i = \mathbf{U}^T (\mathbf{X}_i - \mu) \quad (2-9)$$

按照公式(2-9)把训练样本和检测样本所得的投影特征进行匹配, 最终得到识别结果。

## 2.2.2 训练样本的特征提取

特征提取就是从测量空间  $R^n$  到特征空间  $R^m$  的映射。这里的测量空间就是人脸空间, 映射要遵循两个原则, 一是特征空间必须保留测量空间中的主要分类信息; 二是特征空间的维数应远远低于测量空间的维数。

PCA 算法是利用 K-L 变换来进行特征提取的。K-L 变换是满足上述原则的一种数据压缩方法, 它的特征提取的基本原理是: 在测量空间中找出一组  $m$  个正交矢量, 要求这组矢量能最大的表示出数据的方差, 然后将原模式矢量从  $n$  维空间投影到这组正交矢量构成的  $m$  维子空间, 则投影系数就是构成原模式的特征矢量, 且完成了维数的压缩( $m \ll n$ )。

本章选取的图像来源于 ORL 人脸数据库。此人脸数据库有 40 人, 每人有 10 幅图像。这些图像具有以下特点: 人的脸部表情和脸部细节有着不同程度的变化, 比如笑或不笑, 眼睛睁或闭, 戴或不戴眼镜。人脸姿态也有相当程度的变化, 深度旋转和平面旋转可达 20 度, 人脸的尺度也有多达 10% 的变化, 图像的分辨率为  $112 \times 92$ 。在 ORL 人脸库中选出每个人的前 5 幅图像作为训练图像, 构成一个 200 幅图像的训练集, 剩下的 200 幅图像构成测试集。设训练样本为  $M$  个, 这里  $M = 200$ , 则  $\mathbf{x} = (\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_M)^T$ , 特征提取的具体步骤如下:

$$(1) \text{ 计算训练样本的平均脸: } \mu = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \mathbf{X}_i \quad (2-10)$$

$$(2) \text{ 计算每一张人脸图片与特征脸之间的差值: } \mathbf{d}_i = (\mathbf{X}_i - \mu), (i = 1, 2, \dots, M)$$

$$(3) \text{ 构建协方差矩阵: } \mathbf{C} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \mathbf{d}_i \mathbf{d}_i^T = \frac{1}{M} \mathbf{A} \mathbf{A}^T \quad (2-11)$$

$$(4) \text{ 计算矩阵 } \mathbf{T} = \mathbf{A} \mathbf{A}^T \text{ 的特征值 } \lambda_i \text{ 及其对应的正交归一化特征向量 } \mathbf{T}_i$$

$$(5) \text{ 选择前 } p (p \ll 200) \text{ 最大特征值及其对应特征向量}$$

$$(6) \text{ 求 } \mathbf{C} \text{ 的正交归一化特征向量:}$$

$$\mathbf{u}_i = \frac{1}{\sqrt{\lambda_i}} \mathbf{A} \mathbf{T}_i, (i = 1, 2, \dots, p) \quad (2-12)$$

$$\text{则“特征脸”空间为: } \mathbf{w} = (\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2, \dots, \mathbf{u}_p)。$$

$$(7) \text{ 将每一幅人脸与平均脸的差值矢量投影到“特征脸”空间, 即}$$

$$\mathbf{\Omega} = \mathbf{w}^T \mathbf{d}_i, (i = 1, 2, \dots, 200) \quad (2-13)$$

## 2.2.3 主成分分析的优缺点

PCA 具有如下几个优点：

- (1) 最小均方误差——可以证明，PCA 是在均方误差最小意义下的最优正交分解方法，因此用 PCA 进行信号压缩能够得到最大的信噪比。
- (2) 降维——由于基函数的个数往往远小于信号的维数，因此 PCA 变换能够大大降低数据的表示维数。这对模式识别中的特征提取非常有利。
- (3) 消除冗余——在基函数上的投影系数彼此之间是不相关的。
- (4) 分解函数/合成函数相同——分解函数(Analysis Function)作用于输入信号，得到信号的编码。合成函数(synthesis Function)作用于信号的编码，得到原始信号。如果图像的分解和合成采用线性模型，则分解函数  $\phi_i$  和合成函数  $\phi_i$  是和输入信号具有相同维数的向量，它们可以表示为：

$$a_i = \phi_i^T I, I = \sum_i a_i \phi_i \quad (2-14)$$

PCA 方法实现简单，它将  $N$  维空间的图像数据变成了  $J$  维的投影系数，由于  $N \gg J$ ，因此，PCA 方法有很强的数据压缩能力，而且这种压缩是最优的，因为它不仅使得从  $N$  维空间降到  $J$  维空间后的均方误差最小，而且在变换后的低维空间有很好的人脸表达能力。

主成分分析(PCA)方法同样有其自身的缺点。PCA 法将 K-L 变换后特征值从大到小进行排列，挑选相对大的特征值所对应的特征向量，构成一个 K-L 变换特征空间的子空间，来进行特征提取。又因为 K-L 特征空间中，较大特征值所对应的特征向量体现原图像的总体趋势、低频分量，而较小特征值所对应的特征向量体现原图像的细节变化、高频分量，所以 PCA 方法提取出的是图像总体特征，在人脸图像上的表现就是人脸的外形轮廓和灰度变化，以此作为人脸特征，却丢失了一些原有的重要信息。PCA 方法在人脸特征提取中可以取得较好的效果，但它是基于 K-L 变换的一种特定的选择，无法根据图像的不同而进行优化选取，无法完全避免 K-L 变换的局限。本文针对上述主成分分析法的局限性，在下两章分别提出采用遗传算法和克隆选择算法对

K-L 变换后的特征空间进行优化选取，充分利用遗传算法和克隆选择算法的全局寻优能力，搜索到最有利分类的特征子空间，并对选取的特征子集进行实验对比。

## 2.3 分类器的设计

当获取训练样本和测试样本在特征空间中的投影向量后，剩下的任务就是将这些特征向量交给分类器来判别图像所属的类别。分类器可按已确定的分类判别准则对待识别模式的样本进行分类识别，最终输出分类结果。常用的分类判别准则分为线形的和非线性两类，主要有神经网络分类器，支持向量分类器和贝叶斯概率分类器等。

### 2.3.1 最近邻分类器

最近邻法的直观概念是根据某种距离准则比较未知类别的测试样本和已知类别的样本之间的距离，决策测试样本与离它最近的样本同类。本文主要采用最近邻分类器对人脸特征进行分类识别。

假定有  $C$  个类别  $\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_C$  的模式问题，每类有标明类别的样本  $N_i, (I=1, 2, \dots, C)$  个，可以规定  $\omega_i$  类的判别函数为：

$$g_i(x) = \min \|x - x_i^k\|, k = 1, 2, \dots, N_i \quad (2-15)$$

$x_i^k$  的角标  $i$  表示  $\omega_i$  类， $k$  表示  $\omega_i$  类  $N_i$  个样本中的第  $k$  个。按照分类规则，可以写成：

$$\text{若 } g_j(x) = \min g_i(x), i = 1, 2, \dots, C \quad (2-16)$$

则决策：

$$x \in \omega_j$$

这一分类法称为最近邻分类法。其直观解释是相当简单的，就是说对未知样本  $x$ ，只要比较  $x$  与  $N = \sum_{i=1}^C N_i$  个已知类别的样本之间的欧氏距离，并决策  $x$  为与它最近的样本的同类。

在人脸识别实验处理中，获得每类训练样本的特征系数的聚类中心，即对其求平均值，当需要判别未知样本  $x$  类别时，并不是比较  $x$  与所有训练样

本之间的欧氏距离，而是比较为各类样本聚类中心的欧氏距离，并决定  $\mathbf{x}$  为与它最近的聚类中心所属的为同一个类别。

## 2.4 实验结果与分析

实验中使用 ORL 单人脸数据库，它由 40 个人的 400 幅灰度图像组成，每个人都有表情变化和面部细节变化。所有图像背景都是黑色，允许的倾斜和旋转的角度不超过 20 度，尺寸大小变化不超过 10%。所有图像都是  $112 \times 92$  像素的灰度图像。本实验的目的是验证特征空间维数的变化对识别率的影响。首先取每个人的前 5 幅图像作为训练样本，每个人的后 5 幅作为测试样本，然后采用 PCA 方法进行实验。图 2.4 是 ORL 人脸库中的部分样本。

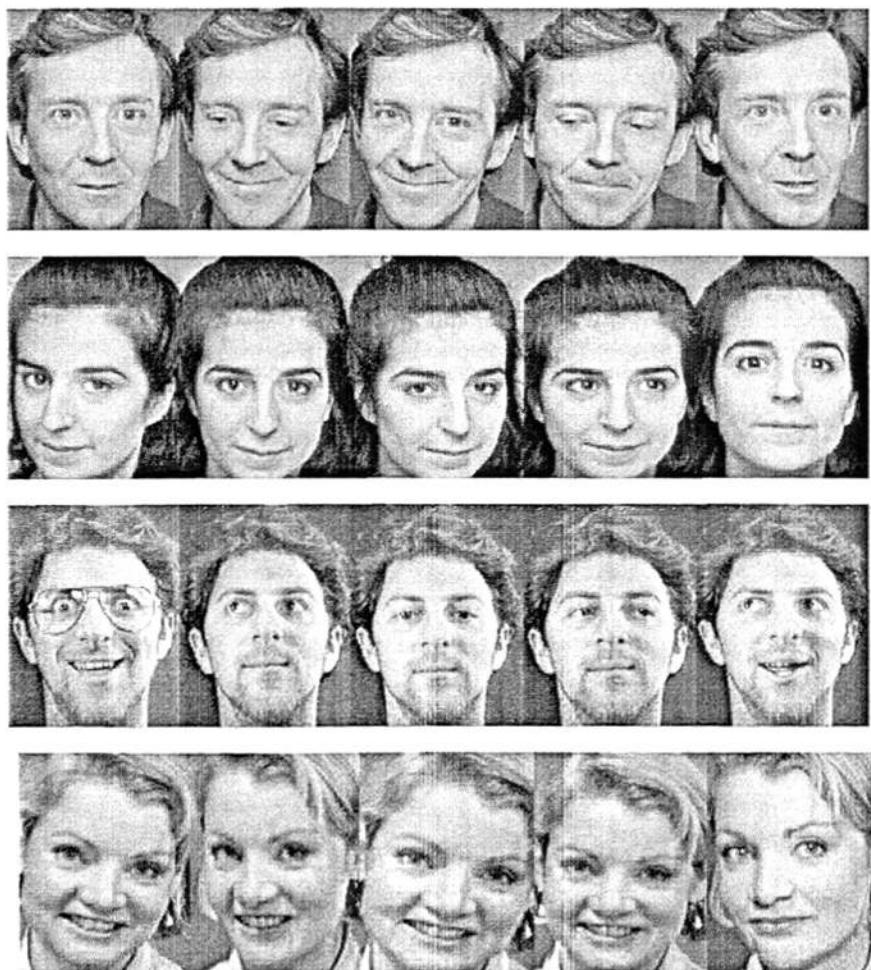


图 2.4 ORL 人脸库部分样本

### 2.4.1 特征空间的选取对识别率的影响

主成分分析法将 PCA 变换后的特征值从大到小排列，选取不同的前  $M$  个特征值所对应的特征向量作为特征空间。根据这一原理，本实验中采用 PCA 方法提取人脸图像的特征向量，按特征值从大到小顺序依次递增地选取特征空间，通过图 2.5 可以观察其识别率的变化情况。PCA 特征空间的维数变化对识别率的影响曲线见图 2.5。

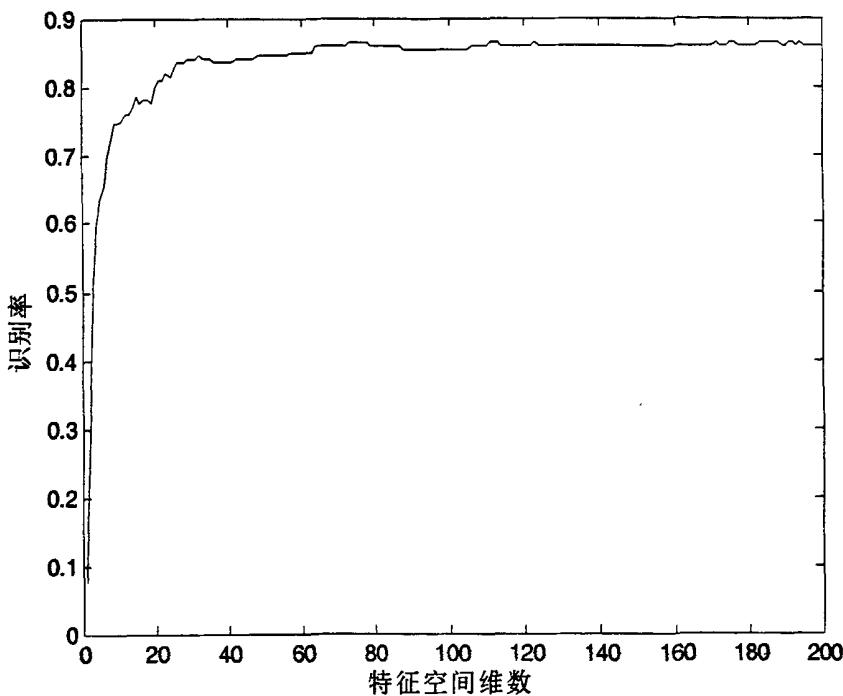


图 2.5 特征空间维数变化对识别率影响的曲线

从图 2.5 可以看出，随着主分量数的增加识别率呈明显增加趋势。因为排列在前面的主分量对原始人脸图像的表征意义最大，所以当主分量数从 1 到 25 的变化过程中，算法的识别率从零开始迅速攀升，在特征空间维数为 78 时达到最高点 86%，之后出现少许下降，直到最后呈现小范围的波动。这说明并不是所有的特征向量的引入都有利于分类识别，其中有些特征向量的选择不利于识别。例如在选择第 16、19、24 号特征向量后，识别率出现了下

降的情况。

### 2.4.2 每一个特征空间维数的增加对识别率的影响

在 PCA 进行特征提取的实验中, 随着特征向量维数的增加, 识别率呈现波动状态, 为了便于确定这些特征向量对分类识别的影响, 需要对图 2.5 曲线进行分析, 将每一个特征空间维数的增加带来的识别率的变化提取出来, 如图 2.6。

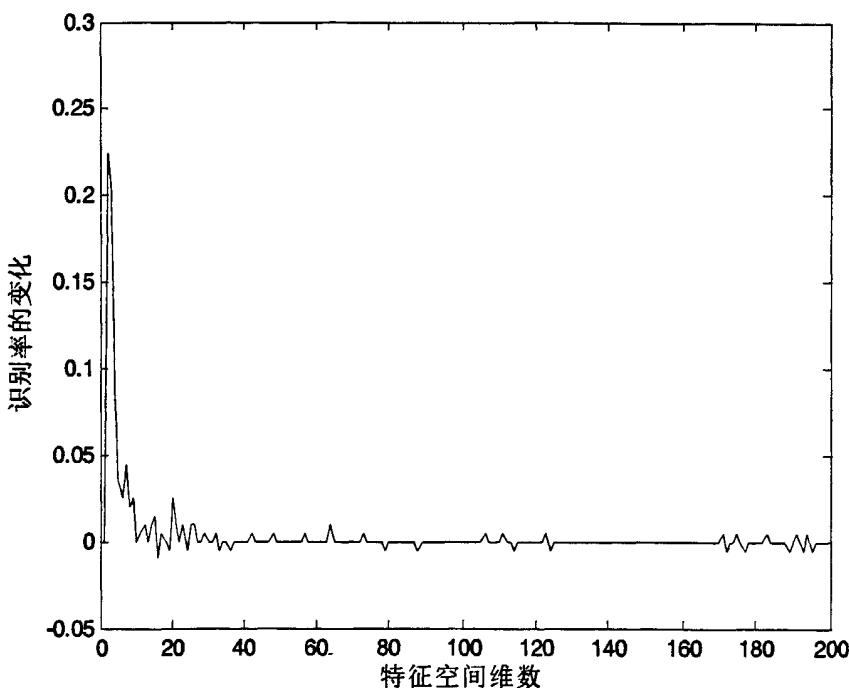


图 2.6 每一个特征空间维数的增加对识别率的影响曲线

从图 2.6 中可以看出选择不同的特征空间, 它们对识别率的贡献是不同的。开始阶段每个特征向量的引入使识别率上升, 但是随后它们的贡献率在 0 附近小范围波动, 这说明随后有的特征向量的引入会造成识别率下降和不变的情况。通过这个实验可以证明特征向量的选取对识别率的影响是不一样的。可以把对识别率有利与有害的特征向量分别提取出来进行实验。为了便于比较, 将图 2.6 用图表的形式表示出来, 不同的特征空间维数对识别率的贡献大小的实验数据见表 2.1。

表 2.1 不同的特征空间维数对识别率的贡献

0	0.225	0.205	0.090	0.0350	0.0250	0.0450	0.0200	0.0250	0
0.0050	0.0100	0	0.0100	0.0150	-0.0100	0.0050	0	-0.0050	0.0250
0.0100	0	0.0100	-0.0050	0.0100	0.0100	0	0	0.0050	0
0	0.0050	-0.0050	0	0	-0.0050	0	0	0	0
0	0.0050	0	0	0	0	0	0.0050	0	0
0	0	0	0	0	0	0.0050	0	0	0
0	0	0	0.0100	0	0	0	0	0	0
0	0	0.0050	0	0	0	0	0	0	-0.0050
0	0	0	0	0	0	0	0	-0.0050	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0.0050	0
0	0	0	0.0050	0	0	-0.0050	0	0	0
0	0	0	0	0	0.0050	-0.0050	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0.0050	-0.00500	0	0	0.0050	0	-0.0050	0	0	0
0	0	0.0050	0	0	0	0	0	-0.0050	0
0.0050	0	-0.0050	0.0050	-0.0050	0	0	0	0	0

表 2.1 中大于零的数值, 表示这些特征向量的引入使识别率有所提高, 它们都是有利于分类识别的特征向量。同理, 数值小于零和等于零的部分, 则表示这些特征向量的引入, 对分类识别是有害和无影响的。由上表统计得出 PCA 有利特征向量共 33 个, 主要分布在前部, 中部和后部零散有一些。有害特征向量共 14 个, 分布比较离散, 没有明显的趋势, 其它还有 153 个无影响的特征。分别将这些特征提取出来进行实验, 结果见表 2.2。

表 2.2 采用不同特征子空间的识别率

所选用的特征子空间	识别率
PCA 有利特征空间	84%
PCA 有害特征空间	43%
PCA 除去有害后的全部特征空间	86%

由表 2.2 可以看出, 选择 33 个 PCA 有利的特征向量, 其识别率为 84%, 而仅选用 14 个 PCA 有害的特征向量, 以此为子空间, 识别率也能达到 43%, 这说明有害特征并不是完全没有分类能力。

而将 153 个 PCA 无影响特征与 33 个 PCA 有利特征结合在一起, 组成特征子空间进行特征提取, 识别率达到 86%, 比只用 PCA 有利特征组成的子特征空间, 略有提高。说明子特征空间的选择不是独立的, 而是相互之间存在着密切的联系。在一种情况下的有利特征可能是另一种情况下的有害特征, 在一种情况下的无影响特征可能是另一种情况下的有利特征。

综上所述, 主成分分析法单纯地将特征值由大到小排列, 从大到小选取特征空间, 必然存在局限性, 无法选取最优特征空间。针对这个问题, 可以采用优化算法对 K-L 变换后的特征空间进行优化选择, 利用优化算法的全局优化性能, 搜索到最有利于分类的特征子空间。

## 2.5 本章小结

本章系统地介绍了主成分分析法的基本原理及其在人脸识别中的应用。针对人脸图像维数过高的问题, 采用主成分分析法实现降维。通过实验结果证明了该方法虽然降维效果比较好, 对人脸的表情、姿态等变化具有很好的适应性, 但对 K-L 变换后的特征空间选取存在一定的局限性, 从而影响了识别效果。

## 第3章 遗传算法在人脸识别中的应用

遗传算法(Genetic Algorithm, 简称 GA)是以自然选择和遗传理论为基础, 将生物进化过程中适者生存规则与群体内部染色体的随机信息交换机制相结合的高效全局寻优搜索算法。遗传算法具有思想简单、易于实现、算法健壮等优点, 同时还具有隐含并行性和全局搜索特性两大显著特征, 因而在自动控制、组合优化、机器学习和图像处理等领域得到广泛的应用。对于大型的、复杂的非线性系统, 遗传算法更能显示出其独特而优越的性能, 目前它已被广泛应用于各类复杂最优化问题上。

### 3.1 进化算法的起源及搜索策略

自然界始终是人类灵感的重要来源。仿生学直接模仿生物界的现象和原理, 而另外一些研究方向则起源于对自然现象或过程的模拟, 如控制论、人工神经网络、模拟退火算法、元胞自动机等。

进化计算起源于 20 世纪 30 年代的通过仿真生物进化过程进行机器学习的研究。早在 1932 年, Cannon 就把自然进化想象为一个学习过程, 与自然进化过程的机制和结果稍微不同的是, Cannon 不是通过维持一个特定的种群来进行搜索, 而是对单个个体反复进行随机试验。到了 1950 年, Turing 认识到, 在机器学习和进化之间存在着明显的关系。1959 年, Friedman 推测, 利用变异和选择的仿真可以设计“思想机器”, 并且指出下棋的程序可以用这种方法设计。1960 年, Cambell 猜想: 在导致知识扩张的所有过程中, 都要涉及“盲目——变化——选择——幸存”的过程。此后, 一些学者逐渐将进化理论用于随机工程控制、机器学习和函数优化等领域。与传统的基于微积分的方法和穷举法等优化算法相比, 进化计算是一种成熟的具有高鲁棒性和广泛适用性的全局优化方法。具有自组织、自适应、自学习的特性, 能够不受问题性质的限制, 有效的处理传统优化算法难以解决的复杂问题并取得良好的效果。

进化计算的发展过程中, Holland 提出遗传算法, Rechenberg 和 Schwefel

提出进化策略, Fogel 提出了进化规划, 形成三大主流板块。这三种方法具有共同的本质, 分别强调了自然进化中的不同方面: 遗传算法强调了染色体的操作, 进化策略强调了个体级的行为变化, 而进化规划强调种群级上的行为变化。现在学术界把遗传算法、进化策略和进化规划统称为进化计算。这几种流派有着各自的优势与应用领域, 都在实际应用过程中取得了长足的发展。

### 3. 2 遗传算法的基本理论

遗传算法的基本思想是基于 Darwin 进化论和 Mendel 的遗传学说的。

Darwin 进化论最重要的是适者生存原理。它认为每一物种在发展中越来越适应环境。物种每个个体的基本特征由后代所继承, 但后代又会产生一些异于父代的新变化。环境变化时, 只有能适应环境的个体特征方能保留下来。

Mendel 遗传学说最重要的是基因遗传原理。它认为遗传以密码方式存在细胞中, 并以基因形式包含在染色体内。每个基因有特殊的位置并控制某种特殊性质, 所以每个基因产生的个体对环境具有某种适应性。基因突变和基因杂交可产生更适应于环境的后代。经过存优去劣的自然淘汰, 适应性高的基因结构得以保存下来。

生物的进化是以集团为主体的。与此相对应, 遗传算法的运算对象是由  $M$  个个体所组成的集合, 称为群体。与生物一代一代的自然进化过程相类似, 遗传算法的运算过程也是一个反复迭代的过程, 第  $t$  代群体记做  $P(t)$ , 经过一代遗传和进化之后, 得到第  $t+1$  代群体, 他们也是由多个个体组成的集合, 记做  $P(t+1)$ 。这个群体不断的经过遗传和进化操作, 并且每次都按照优胜劣汰的规则将适应度较高的个体更多的遗传到下一代, 这样最终在群体中将会得到一个优良的个体  $X$ , 它所对应的表现型  $X$  将达到或接近于问题的最优解  $X^*$ 。基本遗传算法的流程如 3.1 所示。

遗传算法中最优解的搜索过程模仿生物的进化过程, 使用所谓的遗传算子(Genetic Operators)作用于群体  $P(t)$  中, 进行下述的遗传操作, 从而得到新一代群体  $P(t+1)$ 。

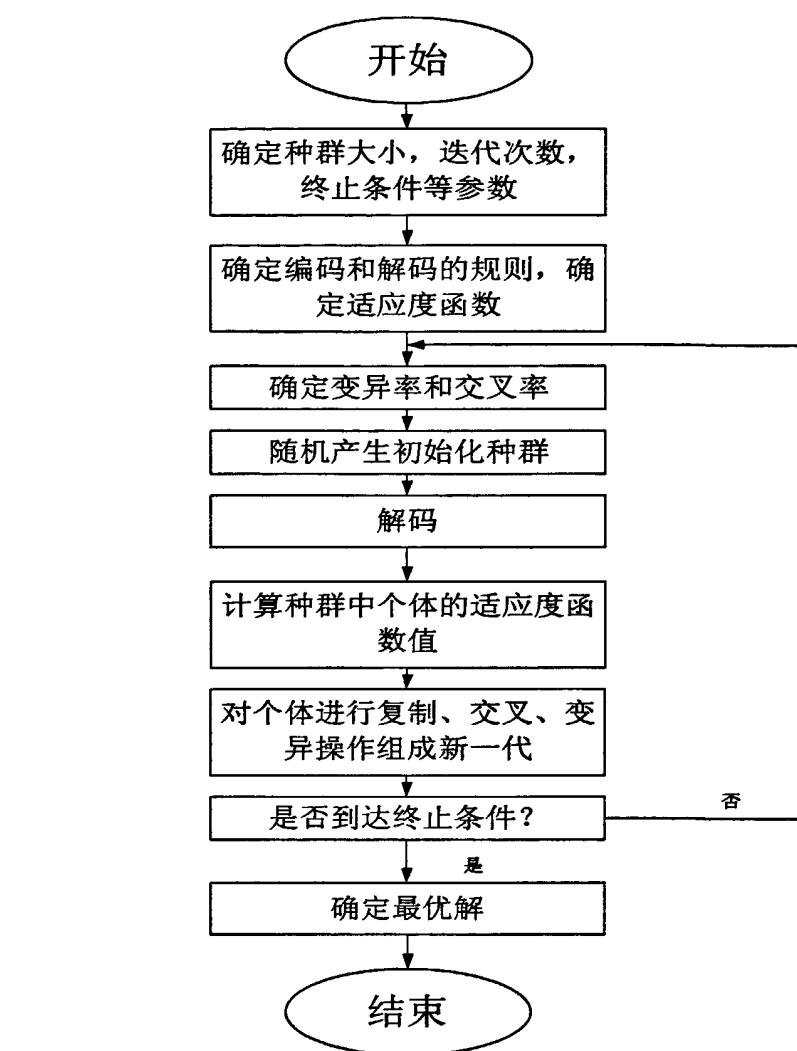


图 3.1 遗传算法的一般流程图

遗传算法的直观描述如下：

(1) 随机选择  $N$  个初始点组成一个种群，种群内的每个个体称为染色体，种群内染色体的数量就是种群规模。种群内每个染色体必须以某种编码形式表示，编码的内容可以表示染色体的某些特征，随着求解问题的不同，它所表示的内容也不同。通常染色体表示被优化的参数，每个初始染色体就表示问题的一个初始解。

(2) 按照一定的选择策略选择合适的染色体，选择体现“适者生存”的原理。根据种群中每个染色体的适应度值，从中选择具有最好的  $m$  个染色体

作为重新繁殖的下一代种群。

(3) 以事先给定的杂交概率  $P_c$ 。在选择出的  $m$  个染色体中任意选择两个染色体进行杂交运算或重组运算，产生两个新的染色体，重复此过程直到所有要求杂交的染色体杂交完毕。杂交是两个染色体之间随机交换信息的一种机制。

(4) 根据需要可以以事先给定的变异概率  $P_m$  在  $m$  个染色体中选择若干染色体，并按一定的策略对选中的染色体进行变异运算。变异运算增加了遗传算法找到最优解的能力。

(5) 检验停机条件，若满足收敛条件或固定迭代次数则停机，若不满足条件则转(2)。

### 3.3 遗传算法的结构

一般的遗传算法由四个部分组成：编码机制，控制参数，适应度函数，遗传算子。每一次进化过程就产生新一代的种群，种群内染色体所表示的解可以经过进化最终达到最优解。

#### 3.3.1 编码机制

遗传算法的编码就是解的遗传表示。编码是应用遗传算法时要解决的首要问题，也是涉及遗传算法时的一个关键步骤。在遗传算法执行过程中，对不同的具体问题进行编码，编码的好坏直接影响选择、交叉、变异等遗传运算。遗传算法并不是对研究对象参数直接进行操作，而是通过某种编码机制在目标问题实际表示与遗传算法的染色体位串结构之间建立联系。由于遗传算法的鲁棒性，它对编码的要求并不苛刻，大多数问题都可以采用基因呈一维排列的定长染色体表现形式，尤其是基于符号集 {0,1} 的二进制编码形式。但是，遗传算法的编码策略对于遗传算法中遗传算子的设计有很大影响。对遗传算法的编码可以有十分广泛的理解。在优化问题中，一个串对应于一个可能解，在分类问题，串可解释为一个规则，即串的前半部为输入或前件，后半部为输出或后件、结论等等。这也正是遗传算法有广泛应用的重要原因。

### 3.3.2 控制参数

遗传算法的参数设置包括种群规模、迭代次数、杂交概率和变异概率等。目前对遗传算法的参数设置的合理选择还缺少相应的理论作为指导。由于参数设置关系到遗传算法的精度、可取性和计算时间等诸多因素，并且影响结果的质量和系统性能。因此，参数设置的研究受到重视。

在标准的遗传算法中采用经验进行估计，这将带来很大的盲目性，而影响算法的全局最优性和收敛性。目前许多学者意识到这些参数应该随着遗传进化而自适应变化，经过实验在遗传算法参数选择上取得很好的效果。但在大多数情况下，种群规模的大小很难进行计算，理论上不同的问题求解过程应该有不同的最佳种群规模。如果种群规模太小，由于种群中的模式缺少使得遗传算法受到搜索空间的限制。如果种群规模太大，则搜索和优化需要花费大量的时间。迭代次数的设置分为固定和不固定两种设置。固定迭代次数有利于遗传算法的处理，但是设置的选择比较困难，并且不利于产生最优解。不固定迭代次数通过对染色体解的判断自动进行迭代有利于产生最优解，并且解决了参数选择的困难，但容易增加遗传算法的处理时间，尤其是在算法发散时。最佳种群规模和迭代次数的设置研究目的很少有报道，通常，种群规模和迭代次数的设置是根据经验或实验进行的。

### 3.3.3 遗传算子

选择算子(Selection operator): 选择算子也称复制(reproduction)算子它的作用在于根据染色体的优劣程度决定它在下一代是被淘汰还是被复制。一般地说，通过选择，将使适应度大即优良的染色体有较大的存在机会，而适应度小即低劣的染色体继续存在的机会较小。

交叉算子(Crossover operator): 交叉是两个染色体之间随机交换信息的一种操作。当两个染色体之间进行交叉操作时，由于交叉通过染色体传播可以发生模式的破坏作用，因此研究交叉技术对减少交叉的破坏作用具有重要意义。

**变异算子(Mutation operator):** 变异是随机改变某个染色体遗传信息的一种操作。即随机地对染色体某一位或某几位进行变异，变异修改染色体的适应度值。

### 3.3.4 适应度函数

适应度函数是用来区分种群中染色体好坏的标准，是自然选择的唯一标准。选择的好坏直接影响算法的优劣。引入适应值调节和资源共享策略可以加快收敛速度和跳出局部最优点。对适应值进行调节就是通过变换改变原适应值间的比例关系，常用的比例变换有线性变换、乘幂变换和指数变换等。

## 3.4 遗传算法与 PCA 相结合的人脸特征提取方法

PCA 是较经典的特征提取方法，在人脸识别中，可利用 PCA 对人脸图像进行特征提取。但单一的 PCA 算法的识别率并不高，因为 PCA 选择的特征向量并不都是有利于分类的，即 PCA 选择的特征向量并不能体现人脸信息的最优特征集合，因此通常可以在 PCA 基础上结合其它算法进行人脸的特征选择。而最优特征子集的选择是一个组合优化问题，同时也一个多目标优化问题，所以选用遗传算法解决该问题是一个可行及理想的方法。针对 PCA 在特征提取方面的特点，采用遗传算法对特征子集进行自动选取，得到充分体现人脸信息的最小特征集合，大大减少了特征数量以及分类过程中的运算量，以提高识别率。

### 3.4.1 基于遗传算法的人脸特征空间选择

遗传算法是模拟生物在自然环境中的遗传和进化过程，而形成的一种自适应全局优化的搜索算法，它能在有限的代数内寻找到全局最优解。可以在 PCA 算法的基础上，把遗传算法应用到特征空间子集的选择上，这种方法能够把提取到的最有利于分类的特征子空间，作为新的特征空间，以达到最优的识别效果。

将遗传算法应用于人脸识别的特征提取中<sup>[35, 36]</sup>，通过遗传算法选择每一

代中适应度高的个体，经过多次挑选，从原特征空间中挑选出的最优特征子集，构成新的特征空间，便于人脸图像的分类。遗传算法对特征空间进行优化选择的流程图如 3.2 所示：

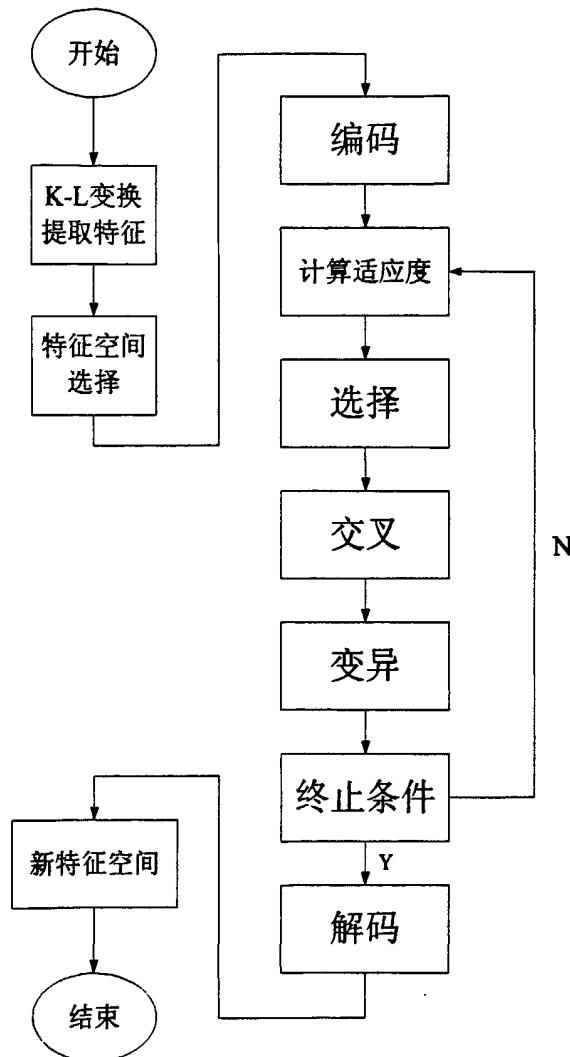


图 3.2 遗传算法对特征空间进行优化选择的流程图

本文把遗传算法应用到特征空间子集的选择上，这样能够自动得到特征向量集合的一个最优子集，用于构造特征空间。具体的算法步骤如下：

(1) 首先对问题进行编码，映射为染色体，对应着特征向量的个数，选择染色体的长度。以 ORL 人脸库为例，取每个人的前 5 幅图像作为训练样本，则人脸训练样本是 200 个，共有 200 个特征，因此染色体的长度  $L = 200$ 。将

训练特征集  $\mathbf{F} = \{f_1, f_2, \dots, f_n\}$  的每一特征采用二进制进行编码。染色体  $\mathbf{F}$  的每一位对应着所选择的特征向量，它的每个基因位  $f_i$  取值为 1 或者 0，基因  $f_i$  位为 1 表示选择  $f_i$  列对应的特征向量，0 表示不选择这列所对应的特征向量。例如 0110110001，表示选择第 2, 3, 5, 6, 10 列的特征向量。

(2) 根据设计的适应度函数计算出  $N$  个个体的适应度值。遗传算法是按个体适应度选择概率的，适应度越高的个体，留到下一代的几率越大。通常可选择个体的目标函数作为适应度值。考虑到特征选择的目的是找出分类能力最强的特征组合，因此可采用识别率来衡量各个体对应的特征组合的分类能力，从而进行优胜劣汰。

适应度函数为：

$$\text{value} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \rho_i \quad (3-1)$$

其中  $\rho_i = 0$  或  $1$ 。  $\rho_i = 0$ ，第  $i$  幅图像没有被正确识别； $\rho_i = 1$ ，第  $i$  幅图像被正确识别。

(3) 采用轮盘选择法在  $N$  个染色体中进行选择，使它们作为父个体参与到接下来的遗传操作中，所选的父个体进行交叉，变异操作产生出新的子个体。

(4) 计算所有个体的适应度值，判断是否满足终止条件，如果满足则停止，否则，世代数加1，返回步骤(3)，继续进行遗传操作。

(5) 达到最大的进化代数则停止遗传操作。

(6) 把GA训练得到的最优个体解码，得到特征向量的最优子集，把人脸图像映射到这个特征空间得到映射权重，作为人脸的特征向量，使用分类器进行识别。

本论文在遗传算法运行中设定的终止条件为进化代数，为了保证遗传算法能收敛于最优解，这里设定进化代数为150代时停止遗传操作。

### 3.4.2 基于遗传算法的人脸识别

经过遗传优化操作后，将最优个体解码得到的最优特征空间作为新的特征空间。这样训练样本图像映射到这个新的特征空间内，会产生一组数据组成特征数据库。待识别人脸图像同样映射到这个新的特征空间内，得到的特征向量与特征数据库中的特征进行匹配，最终得到识别结果。

经过遗传算法提取特征后，人脸识别的实现步骤如下：

- (1) 将人脸图像由 $112 \times 92$ 像素降到 $23 \times 28$ 像素，并将得到的图像进行灰度归一化，使图像灰度值在 $0 \sim 1$ 之间，以减少图像在光照等方面的差异性。
- (2) 对训练样本中的人脸图像进行PCA变换，由遗传算法确定所选择的特征向量集合。
- (3) 将训练样本和测试样本中人脸图像投影到由(2)得到的特征向量张成的空间中，将得到的投影系数作为人脸的特征向量，使用分类器进行识别。

## 3.5 实验结果与分析

针对主成分分析法的局限性，本文提出采用遗传算法对K-L变换后的特征向量空间进行优化选择，提取最有利分类的特征子空间，以达到最优的识别效果。

本实验采用ORL人脸库，该库由40人组成，每人有10张图像，图像大小是 $112 \times 92$ ，图像存在光照、时间、表情(如睁眼或闭眼)和面部细节(如有无戴眼镜)等差异。取每个人的前5幅图片作为训练样本，后5幅为检测样本，训练和检测样本各为200幅，进行实验。其中ORL人脸库部分样本见图3.3，该人脸库中随机取一个人不同表情的10幅样本如图3.4。



图3.3 ORL人脸库部分样本

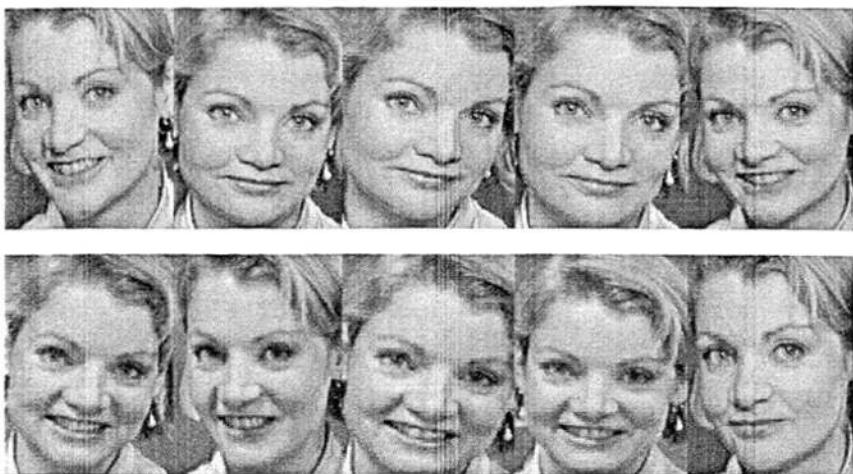


图 3.4 ORL 人脸库某个人的 10 幅样本

### 3.5.1 特征空间选择的实验结果

本文采用遗传算法对 PCA 变换所得特征空间进行优化选择, 以得到最有利分类的特征空间。实验中采用的遗传参数如表 3.1 所示:

表 3.1 遗传算法参数表

类型	种群大小	染色体长度	交叉概率	变异概率
参数	100	M	0.8	0.05

种群是每代进化过程中染色体的数量, 染色体的长度对应着特征向量的个数, 即等于人脸训练样本数。假如人脸训练样本是  $M$  个, 这样得到的特征向量的个数为  $M$ , 因此染色体的长度选择  $L = M$ 。

在 ORL 人脸库上, 由于选择每个人的前 5 幅为训练样本, 则训练样本共有 200 个, 故原特征空间维数是 200, 通过 PCA 和遗传算法(GA)进行联合降维后得到的结果为 101 维, 明显缩减了特征空间的维数。这时种群中的最优个体为:

*pop\_best = [01000111100000100110001111100100001010111100001100001111100101111110010110100011101110101010000000111101000100110010001100011110010111110011001111001010011111101000010000000010111111001001000101111110]*。经过遗传优化操作后, 把这 101 维特征向量张成的最优特征空间作为新的特征空间。这样训练样本图像映射到这个新的特征空间内, 会

产生一组数据组成特征数据库，待识别人脸同样映射到这个特征空间内，与特征数据库的人脸样本进行分类识别。

### 3.5.2 识别率对比

实验中分别采用传统PCA方法和PCA+遗传算法(GA)方法进行特征向量提取，然后采用最近邻分类器对人脸特征进行识别。通过这两种方法的识别率对比，比较PCA算法及PCA+GA特征选择算法所选择的特征向量对人脸识别率的影响。见表3.2。

表 3.2 PCA 方法和 PCA+GA 方法识别率对比

采用的方法	分类器	识别率
PCA	最近邻分类器	86%
PCA+GA	最近邻分类器	88.5%

实验表明采用PCA+GA的特征选择算法，比传统的PCA算法有更高的识别率，同时也证明了遗传算法在特征提取上的有效性。用PCA+GA算法应用于人脸图像的特征提取时，大大减少了特征数量以及分类过程中的运算量。另外，最近邻分类器是依赖于训练样本所包含的类内变化和类间变化的简单分类器，分类效果不是很理想，但由于本课题研究的是特征提取方法，为了验证特征提取方法的有效性，因此不采用性能很好的复杂分类器。

## 3.6 本章小结

本章详尽地介绍了进化算法的起源、遗传算法的基本理论及其结构。由于主成分分析法对特征空间选取存在一定的局限性，因此本文重点研究了PCA变换和遗传算法相结合的人脸特征提取方法，该方法充分利用了遗传算法的全局寻优能力，对PCA变换后的特征空间进行优化选择，构成了最有利于分类的特征子空间。实验结果表明：采用该方法进行特征提取后的识别效果比传统PCA方法更好。

## 第4章 克隆选择算法在人脸识别中的应用

人工智能(Artificial intelligence)于1956年作为一门单独的学科问世以来,已经取得了许多重要成果,但在优化方面还存在许多问题。因而人们提出了克隆选择算法来提高优化问题的解质量和收敛速度。克隆选择算法(Clone Selection Algorithm)是由 De. Castro 和 Von. Zuben 在 2000 年提出的一种算法,其灵感来自生物获得免疫的克隆选择原理<sup>[37]</sup>。克隆是一种无性繁殖,在增殖过程中,免疫细胞不断发生基因突变,增加了免疫细胞的多样性。当有机体内免疫细胞的多样性达到一定程度时,每一种抗原侵入机体都能在机体内被识别,同时机体能克隆消灭相应抗原的免疫细胞,使之激活、分化和增殖,进行免疫应答以最终清除抗原,这就是克隆选择。

### 4.1 克隆选择算法的提出

随机迭代搜索对优化问题没有特殊要求、易于执行、能够在庞大的解空间中搜索出满意的优化解,是解决复杂优化问题的一种有效方法<sup>[38]</sup>。随机迭代搜索分为局部搜索和基于种群的搜索两种。前者通常保留一个最优解,后者则为维持一个可能解的群体提供多种选择。对后者而言,种群模式的多样性对算法的搜索性能有较大影响,特别是对求解具有多模态性质或时变性质的优化问题,要求算法具有较强的保持多种模式的能力。遗传算法作为第二种方法的代表,由于存在模式收敛性质,容易出现早熟现象,一直影响算法应用。

1958 年 Burnet 等提出了著名的克隆选择学说,其中心思想为:抗体是天然产物,以受体的形式存在于细胞表面,抗原可与之选择性地反应。抗原与相应抗体的反应可导致细胞克隆性增值,该群体具有相同的抗体特异性,其中某些细胞克隆分化为抗体生成细胞,另一些形成免疫记忆细胞以参加之后的二次免疫反应,克隆选择是生物体免疫系统自适应抗原刺激的动态过程,在这一过程中,所体现的学习、记忆、抗体多样性等生物特性正是人工免疫

系统所借鉴的。

克隆的实质是在进化过程中，在每一代最优解的附近，根据亲和度的大小进行克隆，产生一个变异解的群体，从而扩大了搜索范围(即增加了抗体的多样性)，有助于防止进化早熟和搜索陷于局部极值点，同时通过克隆选择来加快收敛速度。克隆选择算法是依据生物体免疫系统自适应抗原刺激的动态过程所体现出的学习、记忆、耐受、抗体多样性等生物特性，通过构造合适的克隆算子、免疫基因操作、克隆选择操作来求解优化问题。

免疫系统在遇到未知抗原入侵时，能够迅速搜索到与之匹配的抗体，并能够保持抗体多样性。近年来，随着研究的深入，人们逐渐认识到克隆选择机制的应用价值，将它用于优化问题求解，取得了较好的效果。克隆选择以物竞天择、适者生存的遗传法则为基础，被看作一种微观世界的遗传选择。它具有较强的搜索能力，且能够保持种群模式多样化，在优化计算领域有着良好的应用前景。表 4.1 给出了生物抗体克隆选择学说的概念在克隆算子中作用的对应关系。

表 4.1 生物抗体克隆选择学说的概念在克隆算子中作用的对应关系

生物抗体克隆选择学说概念	克隆算子中的作用
抗原	问题的优化目标(目标函数)及其约束条件
抗体	解
抗体—抗体亲和度	在解空间中，两个解之间的距离
抗体—抗原亲和度	解所对应的目标函数值(或设定的亲和度函数值)
记忆细胞、血浆细胞	解集合

## 4.2 克隆选择算法的原理

克隆选择原理的基本思想<sup>[39]</sup>：只有那些能够识别抗原的细胞才进行扩增、被选择并保留下，而那些不能识别抗原的细胞则不选择，也不进行扩增。骨髓中微小的“休眠”的 B 细胞每一个都载有一个不同的抗体类型。这些细胞载有对于抗原特异的受体，扩增分化成血浆细胞和记忆细胞。与达尔文的生物进化原理相似，免疫系统中也存在着进化现象。免疫系统中每个 B 细胞受体的形状可用一个  $n$  维实向量描述，因此可表示为  $n$  维欧几里德空间中

一点，称此空间为欧几里德形状空间。两个  $B$  细胞的受体形状越相似，它们在形状空间中距离越近。当抗原侵入机体时， $B$  细胞受体与抗原形状互补程度越大，二者间亲和度越高，则越易结合。

不失一般性，考虑以  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$  为变量的目标函数优化问题：

$$(P): \max(f(e^{-1}(A)) : A \in I) \quad (4-1)$$

其中，具有有限长度的字符串  $A = a_1 a_2 \dots a_l$  是变量  $X$  的抗体编码，记为：

$$A = e^{-1}(X) \quad (4-2)$$

集合  $I$  称为抗体空间， $f$  为  $I$  上的正实数函数，称为抗体—抗原亲和度函数。抗体种群空间为：

$$I^n = \overline{A} : \overline{A} = (A_1, A_2, \dots, A_m), A_k \in I, 1 \leq k \leq n \quad (4-3)$$

其中，正整数  $n$  称为抗体种群规模，抗体种群  $\overline{A} = \{A_1, A_2, \dots, A_m\}$  为抗体  $A$  的  $n$  元组，是抗体种群空间  $I^n$  的一个点。定义为问题  $(P)$  的全局最优解集为：

$$B^* = \{A \in I^n : f(A) = f^* = \max(f(A) : A \in I^n)\} \quad (4-4)$$

对于抗体种群  $\overline{A}$ ，有：

$$\theta(\overline{A}) = |\overline{A} \cap B^*| \quad (4-5)$$

式子(4-5)表示抗体种群  $\overline{A}$  中包含的最优解个数。

显然，上述定义没有生物学意义，严格区分抗体和  $B$  细胞。抗体种群  $\overline{A}(k)$  在克隆选择算子(Clone Selection Operator, CSO)的作用下，其群演化过程可以表示为：

$$A(k) \xrightarrow{T_c^C} Y(k) \xrightarrow{T_g^C} Z(k) \xrightarrow{\sim} A(k) \xrightarrow{T_s^C} A(k+1) \quad (4-6)$$

对于  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$  和  $Y = \{y_1, y_2, \dots, y_n\}$ ， $\sim$  操作意义为：

$$X \sim Y = \bigcup_{i=1}^n \{x_i \cup y_i\} \quad (4-7)$$

CSO 主要操作过程，如图 4.1 所示：

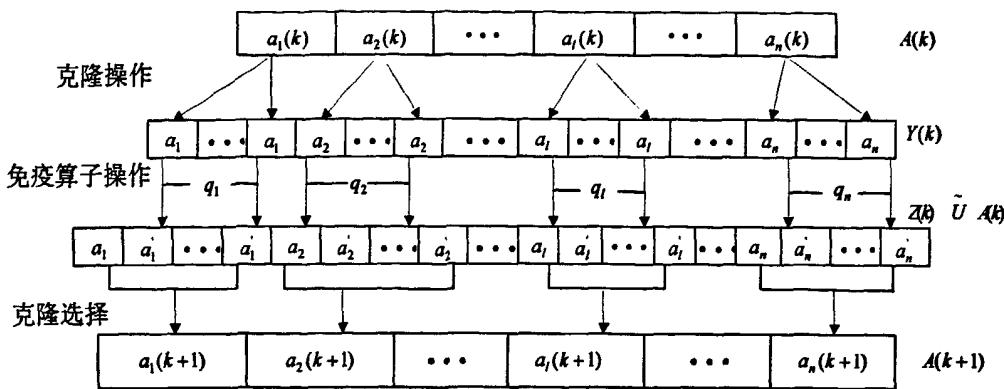


图 4.1 CSO 主要操作过程

(1) 克隆操作  $T_c^C$ : 对抗体种群  $A(k)$  的克隆操作  $T_c^C$  定义为:

$$\begin{aligned}
 Y(k) &= [Y_1(k) Y_2(k) \dots Y_n(k)] \\
 &= T_c^C(A(k)) \\
 &= [T_c^C(A_1(k)) T_c^C(A_2(k)) \dots T_c^C(A_n(k))]^T
 \end{aligned} \tag{4-8}$$

其中:

$$Y_i(k) = T_c^C(A_i(k)) = I_i \times A_i(k), \quad i = 1, 2, \dots, n, \tag{4-9}$$

$I_i$  为元素为 1 的  $q_i$  维行向量, 称抗体  $A_i$  的  $q_i$  克隆: 即抗体在抗原  $f(A_i(k))$  的刺激下, 实现了生物倍增, 而规模  $q_i$  可以表示为:

$$q_i(k) = h(n_c, f(A_i(k)), \Theta_i) \tag{4-10}$$

式中,  $\Theta_i$  反映抗体  $A_i$  与他的抗原的亲和度, 这里简单定义为:

$$\Theta_i = \min\{D_{ij}\} = \min\{\exp(\|A_i - A_j\|)\}, \quad i \neq j; i, j = 1, 2, \dots, n \tag{4-11}$$

其中,  $\|\cdot\|$  为任意范数, 在计算  $\Theta_i$  时, 对  $\|\cdot\|$  一般要进行归一化处理, 即  $0 \leq \|\cdot\| \leq 1$ 。

显然, 抗体亲和度越大(相似程度越高, 反映了抗体间的抑制作用越强),  $\Theta_i$  值越小。特别地, 当抗体亲和度为 0 时,  $\Theta_i = 1$ 。

进一步, 记  $D = (D_{ij})_{n \times n}$ ,  $i, j = 1, 2, \dots, n$  为抗体—抗原亲和度矩阵。 $D$  是一个对称矩阵, 反映了种群的多样性。 $n_c > n$  是与克隆规模有关的设定值。

具体地, 一般取  $q_i$  值为:

$$q_i(k) = \text{Int} \left[ n_c \times \frac{f(A_i(k))}{\sum_{j=1}^n f(A_j(k))} \times \Theta \right], \quad i, j = 1, 2, \dots, n \quad (4-12)$$

$\text{Int}(\cdot)$ 为上取整函数,  $\text{Int}(x)$ 表示大于  $x$  的最小整数。因此, 对单一抗体而言, 其克隆规模是依据抗体——抗原亲和度自适应调整的, 而且当抗体——抗原亲和度大时, 克隆规模也大, 反之就小。克隆过后, 种群变为:

$$Y(k) = \{Y_1(k), Y_2(k), \dots, Y_n(k)\} \quad (4-13)$$

其中:

$$Y_i(k) = \{Y_j(k)\} = \{A_{i1}(k), A_{i2}(k), \dots, A_{iq_i}(k)\} \text{ 且 } Y_j(k) = A_i(k), \quad j = 1, 2, \dots, q_i. \quad (4-14)$$

(2) 免疫基因操作  $T_g^c$ : 免疫基因操作包括交叉和变异。仅采用变异的克隆选择算法为单克隆选择算法(Monoclonal Selection Algorithm, MCSA); 交叉和变异都采用的为多克隆选择算法(Polyclonal Selection Algorithm)。

依据交叉、变异概率  $p_c^i$ ,  $p_m^i$  对克隆后的群体进行交叉、变异操作:

$$Z(k) = T_g^c(Y(k)) \quad (4-15)$$

一般情况下, 较小的变异概率可以防止种群中重要的、单一的基因的丢失, 较大的变异概率将使得算法趋于纯粹的随机搜索。

(3) 克隆选择操作  $T_s^c$ : 与进化计算中的选择操作不同, 克隆选择  $T_s^c$  是从抗体各自克隆后的子代中选择优秀的个体, 从而形成新的种群, 即:

$$A(k+1) = T_s^c(Z(k) \tilde{\cup} A(k)) \quad (4-16)$$

具体地,  $\forall i = 1, 2, \dots, n$ , 则有:

$$B_i(k) = \min\{Z_j(k)\} = \{z_j(k) \mid \min f(z_j) \quad j = 1, 2, \dots, q_i\} \quad (4-17)$$

而对于

$$p_s^i(Z_i(k) \cup A_i(k) \rightarrow A_i(k+1)) \quad (4-18)$$

有:

$$\begin{aligned}
 p_s^k(A_i(k+1) = B_i(k)) &= \begin{cases} 1, & f(A_i(k)) > f(B_i(k)) \\ \exp\left(-\frac{f(A_i(k)) - f(B_i(k))}{\alpha}\right), & f(A_i(k)) \leq f(B_i(k)) \text{ 且 } A_i(k) \text{ 不是} \\ & \text{目前种群的最优抗体} \\ 0, & f(A_i(k)) \leq f(B_i(k)) \text{ 且 } A_i(k) \text{ 是目} \\ & \text{前种群的最优抗体} \end{cases} \quad (4-19)
 \end{aligned}$$

$\alpha > 0$  是一个与抗体种群多样性有关的值, 一般地, 多样性越好,  $\alpha$  取值越大, 反之越小。显然, 抗体保持不变的概率为:

$$p_s^k(A_i(k+1) = A_i(k)) = 1 - p_s^k(A_i(k+1) = B_i(k)) \quad (4-20)$$

克隆选择完成后得到下一代抗体群  $A(k+1)$ 。

### 4.3 克隆选择算法的结构

定义初始抗体种群  $A$ , 规模为  $N$ , 每个抗体的编码长度为  $L$ , 可定义所有抗体组成的种群空间为  $S$ , 那么  $A_b \in S^{N \times L}$ 。编码方式可选择二进制编码、序号编码、字符编码。

#### 4.3.1 克隆选择算子

首先将抗体种群  $A$  中的抗体按照亲和度由大至小按降序排列, 得到:

$$A = \{A_1, A_2, \dots, A_N\} \quad (4-21)$$

其中:

$$f(A_i) > f(A_{i+1}) \quad i = 1, 2, \dots, N-1 \quad (4-22)$$

式子(4-22)中  $f(\cdot)$  为亲和度函数,  $f(A_i)$  为抗体种群  $A$  中第  $i$  个抗体对于抗原的亲和度。

根据实际问题的含义, 抗体抗原之间亲和度可以是函数值、销售收入、利润等。为了能够直接将亲和度函数与群体中的个体优劣度量相联系, 在免疫克隆算法中亲和度要求为非负, 而且越大越好。而对于给定的优化问题  $\text{optimize}(g(x))$ , 其中  $x \in [u, v]$ , 目标函数  $g(x)$  有正有负, 因此有必要通过变

换将目标函数  $g(x)$  转换为亲和度函数，保证亲和度函数值为非负，且目标函数的优化方向对应亲和度增大的方向。

对于最小化问题，建立如下亲和度函数  $f(x)$  和目标函数  $g(x)$  映射关系：

$$f(x) = \begin{cases} c_{\max} - g(x) & g(x) > c_{\max} \\ 0 & \text{else} \end{cases} \quad (4-23)$$

其中， $c_{\max}$  为  $g(x)$  的最大值估计。

对于最大化问题，一般采用下述方法：

$$f(x) = \begin{cases} g(x) - c_{\min} & g(x) > c_{\min} \\ 0 & \text{else} \end{cases} \quad (4-24)$$

其中， $c_{\min}$  为  $g(x)$  的最小值估计。

在克隆算法当中，抗原对应优化的目标函数或亲和度函数，而抗体则对应目标函数或亲和度函数的一个可行解。

#### 4.3.2 重组变异算子

抗体在亲和度成熟的过程中，是以受体编辑和抗体细胞高频变异为主要方式，由抗体重组算子和变异算子，来实现克隆选择算法的亲和度成熟的过程。抗体重组算子又包括抗体交换算子、抗体逆转算子和抗体移位算子。通过抗体重组算子、变异算子以及后面将要介绍的抗体克隆删除算子的多重作用，将会使算法能够在已有的优秀抗体的基础上，通过亲和力成熟过程以较高的概率找到更优秀的抗体。

**抗体交换算子(Change Operator):** 是指抗体按照一定的交换概率  $P_c$ ，随机选取抗体中的两个或多个点，并交换这些点上的基因形成新的抗体，抗体交换算子的示意图(图中为两点交换)，如图 4.2 所示。

**抗体逆转算子(Inverse Operator):** 是指抗体按照一定的逆转概率  $P_i$ ，随机选取抗体中的两个点，将这两点之间的基因段首尾倒转过来形成新的抗体，抗体逆转算子的示意图，如图 4.3 所示。

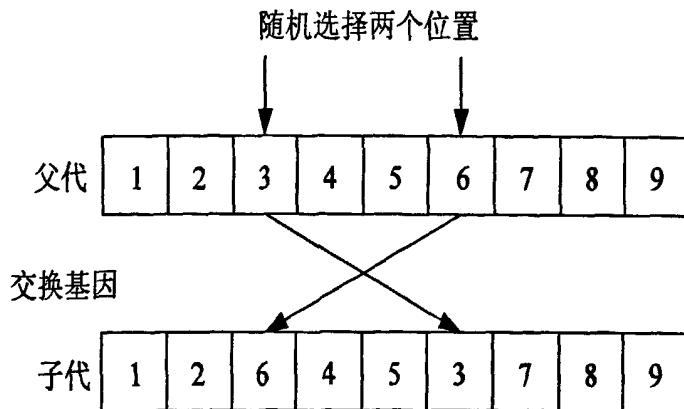


图 4.2 抗体交换算子

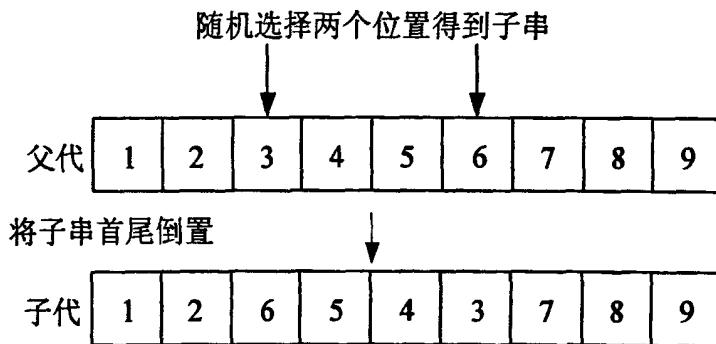


图 4.3 抗体逆转算子

**抗体移位算子(Shift Operator):** 是指抗体按照一定的移位概率  $P_s$ ，随机选取抗体中的两个点，将两点之间基因段中的基因循环向左移位，使该基因段中的末位基因移到段的首位形成新的抗体，抗体循环移位算子的示意图，如图 4.4 所示：

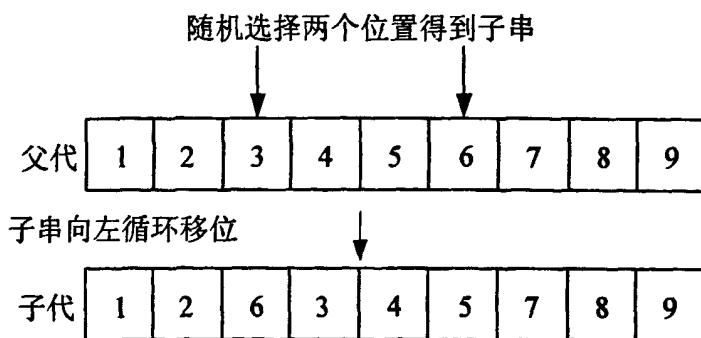


图 4.4 抗体移位算子

抗体变异算子(Mutation Operator): 是指抗体按照一定的突变概率  $P_m$ ，随机选取抗体中的一个或多个点，并由随机生成的一个或多个基因来取代，形成新的抗体，抗体变异算子的示意图(图中为单点变异)，如图 4.5 所示：

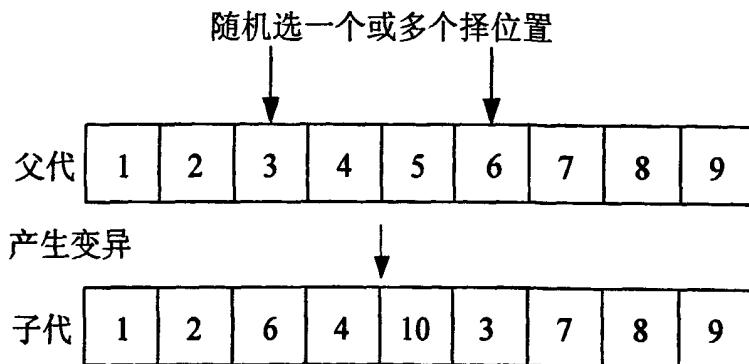


图 4.5 抗体变异算子

#### 4.3.3 克隆删除算子

某些抗体在经过高频体变异和受体编辑后，可能会出现退化现象，与抗原的亲和力度反而降低，则免疫系统会将这些低亲和度的抗体进行删除。为了模拟这个过程，引入克隆删除算子，防止算法运行中，抗体出现退化，减缓收敛速度，降低收敛的全局可靠性。

抗体克隆删除算子(Clone Deletion Operator): 是指抗体  $A$  经过重组或者突变之后得到的抗体  $A'$ ，如果  $A'$  的亲和度低于重组或突变前的父代抗体  $A$  的亲和度，即：

$$f(A_i) < f(A_{i+1}) \quad i = 1, 2, \dots, N-1 \quad (4-25)$$

则删除抗体  $A'$ ，用其父代抗体  $A$  来代替。

#### 4.3.4 抗体补充算子

生物免疫系统中为了保持抗体的多样性，每天都会产生大量的新抗体进入免疫系统，其中绝大多数因为亲和度低而遭到抑制死亡，但是仍然有极少数的抗体具有较高的亲和度，获得了进行克隆扩增的机会，通过亲和度成熟

过程而成为优秀的抗体。为了模拟这种抗体循环补充的机制，定义抗体补充算子，以提高抗体的多样性，实现全局范围内的搜索优化，避免陷入局部最优解。

**抗体补充算子(Supplement Operator):** 是指每一次对抗体群  $A$  进行克隆选择扩增之前，从一个随机产生的规模为  $N_r$  的候选抗体群  $A_r$  中选择  $N_s$  (其中  $N_s \ll N_r$ ，且一般  $5\% < N_s/N < 20\%$ ) 个亲和度较高的抗体  $A_s$  来取代  $A$  中亲和度最低的  $N_s$  个抗体进入克隆选择扩增以及亲和度成熟过程。

## 4.4 克隆选择算法的优点

作为一种新的全局优化搜索算法，克隆选择算法在算法实现上兼顾全局搜索和局部搜索，并构造记忆单元，将遗传算法的记忆单个最优个体变为记忆一个最优解的群体。在一般的遗传算法中，交叉是主要算子，变异是背景算子，但克隆选择算法则恰恰相反，并且实验证明免疫克隆选择算法性能优于相应的遗传算法。克隆选择算法有着多样性、高变异性、依据适应度成熟 (Affinity Maturity) 的特点<sup>[40]</sup>，使其既能在全空间搜索又有着较快的收敛速度，在一定程度上解决了进化算法通常面临的早熟收敛问题。另外，克隆算子本身的选择机制具有记忆功能，因此可以保证算法以概率 1 收敛到最优解，而标准的遗传算法则不能。

### 4.4.1 克隆选择算法以概率 1 收敛

关于克隆选择算法的全局收敛性证明。本文简单叙述如下：克隆选择算法的编码，可以看成长度为  $L$  的 0, 1 编码序列， $L$  只与抗原规模有关。克隆选择的过程是一个随机过程，以迭代次数  $t$  为时间坐标，每一次迭代过程可以看作是对这个 0, 1 序列的一次变异，第  $t$  代的抗体群相当于第  $t-1$  代的抗体群乘以一个  $L \times L$  的状态转移概率矩阵  $P$ ，且第  $t$  代的抗体群只与第  $t-1$  代的抗体群有关，而与  $t-1$  代之前的抗体均无关，因此克隆选择的迭代过程可以看作一个马尔可夫链，第一代抗体到第  $t$  代的抗体的转移矩阵为转移矩阵的次幂  $P^t$ 。由算法流程中所设的限制可知，每一步迭代所得的抗体群较前代

抗体群的适应度是递增的，将整个抗体空间中所有的 $2^L$ 个抗体按其适应度大小降序排列，将初始群体 $\pi_0 = (P_0, P_1, \dots, P_m)$ (一个随机的状态)经过 $t$ 次迭代后的抗体群为 $\pi_0 * P^t$ ，最后的稳态分布为：

$$\pi^* = \lim_{t \rightarrow \infty} \pi_0 P^t = \left( \sum_{i=t}^m P_i, 0, 0, \dots, 0 \right) = (1, 0, 0, \dots, 0) \quad (4-26)$$

也就是说最后的稳态会与初始状态无关地收敛到 $(1, 0, 0, \dots, 0)$ 状态即第一状态，也就是适应度最高的最优解<sup>[41]</sup>。

#### 4.4.2 克隆选择算法较遗传算法的优势

虽然遗传算法具有较强的全局搜索能力，不过它的搜索能力与收敛能力是一对矛盾。搜索能力强则易造成群体的分散度高，不宜收敛；收敛能力强则群体处理模式的能力强，但是容易陷入局部极值。同时，遗传算法的性能受初始群体模式的影响很大，如果模式不佳，容易让超级模式垄断群体出现早熟，使得搜索陷于停滞。

而克隆选择算法和遗传算法都是采用群体搜索策略，并且强调群体中个体信息间的信息互换，因此有许多相似之处。首先在算法结构上，都要经过“初始种群产生—评价标准计算—一种群间个体信息互换—新种群产生”这一循环过程，最终以较大概率获得问题的最优解；其次在功能上，两者本质上都具有并行性，在搜索中不易陷入极小值，都有与其它智能策略结合的固有优势；然后在主要算子上，克隆选择算法采用了进化计算的主要算子。

遗传算法与克隆选择算法都能够适用于数值函数优化，两者都属于启发式迭代的优化算法，但克隆选择算法比遗传算法具有更强大的优化能力。因为当免疫系统在遇到未知抗原入侵时，能够迅速搜索到与之匹配的抗体，消除抗原，保持肌体健康。克隆选择作为免疫系统重要的搜索手段具有较强的优化能力，同时也是产生和保持免疫多样性的重要原因之一。

克隆选择算法与遗传算法相比，具有如下不同的特征：

(1) 克隆选择算法通过促进或抑制抗体的产生，体现了免疫反应的自我

调节功能，保证了个体的多样性。而遗传算法只是根据适应度选择父代个体，并没有对个体多样性进行调节。

(2) 克隆选择算法的评价标准是计算亲和度，包括抗体—抗原的亲和度以及抗体—抗体的亲和度，反应了真实的免疫系统的多样性。而遗传算法只是简单的计算个体适应度。

(3) 在遗传算法中交叉操作作为保留好的“基因”同时又给群体带来变化的操作，是遗传算法中的主要操作，而变异操作由于其变化较为激烈，只能作为算法中的辅助操作，从而保证算法的平稳全局收敛。在克隆选择算法中，变异操作为主要的算子，主要靠变异来引入新个体以及寻找到最优个体。

(4) 克隆选择算法的选择概率包括了解的适应度和浓度的信息，模拟了自然免疫系统的浓度调节机制。克隆选择算法中基因可以由个体自己选择，个体的变化导致基因的变化。而在遗传算法中基因由环境选择，外部环境的改变是个体变化的真正原因。

(5) 记忆库是受免疫系统具有免疫记忆的特性的启示，在克隆选择算法结束时，将问题最后的解及问题的特征参数存入记忆库中，以便在下次遇到同类问题时可以借用这次的结论，从而加快问题解决的速度，提高问题解决的效率。克隆选择算法在记忆库基础上运行，确保了快速收敛于全局最优解。对于基于克隆选择算法的学习来说，记忆库是必不可少的。而遗传算法则是基于父代群体，标准遗传算法不能保证概率收敛。

(6) 克隆选择算法起源于宿主和宿原之间的内部竞争，它所相互作用的环境既包括外部也包括内部环境。而遗传算法起源于个体和自身基因之间的外部环境竞争，即适应外部环境变化的基因生存。

#### 4.5 克隆选择算法与 PCA 相结合的人脸特征提取方法

克隆选择算法具有全局搜索能力强、种群多样性好和收敛速度快等优点，因此可以采用克隆选择算法对 PCA 变换后的特征向量进行选择，以构成最有利于分类的特征空间。本文正是利用克隆选择算法能快速收敛于全局最优解

的特性，加快搜索到最优特征子集的速度，使它在有限代数内，快速收敛到更优的特征子集。

采用克隆选择算法进行人脸特征选择的流程如图 4.7。

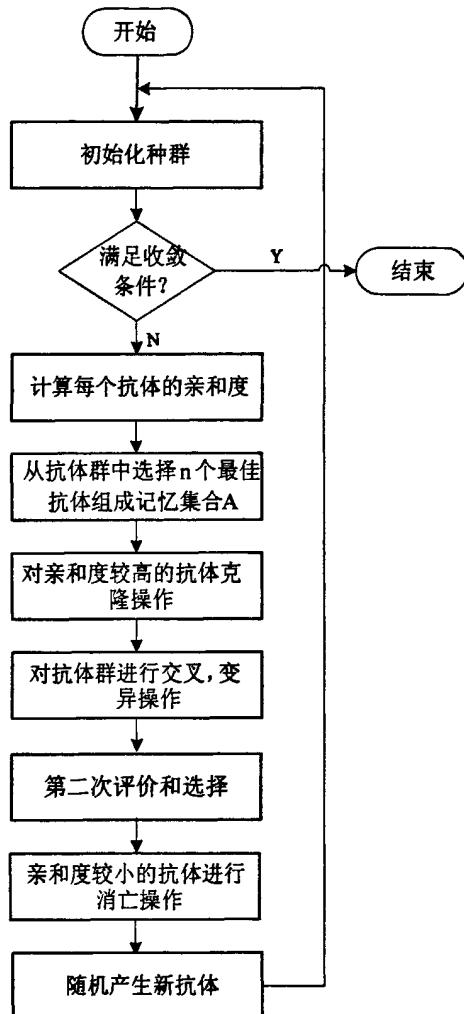


图 4.7 基于克隆选择算法人脸特征提取流程图

采用克隆选择算法进行人脸特征提取的具体步骤为：

(1) 初始化：随机产生 100 个抗体，对应所选特征向量的可能解。若人脸训练样本是  $M$  个，则共有  $M$  个特征，编码的长度  $L = M$ 。将训练特征集  $\mathbf{F} = \{f_1, f_2, \dots, f_L\}$  的每一特征采用二进制进行编码。抗体  $\mathbf{F}$  的每一位对应着所选择的特征向量，它的每一位  $f_i$  取值为 1 或者 0，当  $f_i$  位为 1，表示选择  $f_i$  列对应的特征向量，0 表示不选择这列所对应的特征向量。例如 0110110001，表

示选择第 2, 3, 5, 6, 10 列的特征向量。这里设定交叉概率为 0.7, 变异概率为 0.05。

(2) 评价和选择: 计算 100 个抗体对应的识别率, 对应着克隆选择算法中的抗原。选择其值较大的 20 个进入抗体记忆集  $A_m$ , 剩下的部分为  $A_n$ 。

(3) 克隆: 在记忆集  $A_m$  中, 在亲和度最高的抗体中选择  $K$  个进行克隆, 克隆的数量与其亲和度成正比。保证了人脸特征的选取向着最优化方向发展。

(4) 交叉、变异: 模拟生物克隆选择中的超变异过程, 对克隆后的抗体执行交叉、变异操作, 变异率与亲和度成反比。增大了特征向量的搜索范围。

(5) 第二次评价和选择: 重新计算变异后抗体的亲和度, 若某些抗体的亲和度比  $A_m$  中亲和度最高的抗体还要高, 用这些抗体替换  $A_m$  中亲和度最低的抗体, 形成新记忆集。

(6) 消亡: 模拟生物克隆选择中 5% 的  $B$  细胞自然消亡的过程, 在  $A_n$  中选择  $d$  个亲和度最低的抗体重新初始化, 在保证了收敛速度的同时, 也维持了抗体空间的多样性。

(7) 检查是否满足终止条件: 若满足则终止; 否则转到第(2)步, 进入下一次迭代。

克隆选择机制中存在着克隆、超变异、抗体与抗原特异性结合, 未被激发细胞的消亡以及记忆细胞的产生等过程, 可以维持抗体多样性。克隆选择算法的这些特点, 决定了它能够对人脸特征的目标函数优化有良好的效果。

## 4.6 实验结果与分析

实验在 ORL 人脸库上进行, 取每个人的前 5 幅图像作为训练样本, 后 5 幅作为检测样本, ORL 人脸库部分样本如图 4.8。





图 4.8 ORL 人脸库部分样本

实验采用克隆选择算法对 PCA 变换所得特征空间进行优化选择, 以得到最有利分类的特征空间。实验中所采用的克隆选择参数如表 4.2 所示:

表 4.2 克隆选择参数

类型	种群大小	抗体长度	交叉概率	变异概率
参数	100	200	0.7	0.05

#### 4.6.1 识别率对比

实验在ORL人脸库上进行, 分别采用PCA方法和PCA+CSA进行特征向量提取, 然后采用最近邻分类器对人脸特征进行识别。通过这两种方法的识别率对比, 比较PCA算法及PCA+CSA特征选择算法所选择的特征向量对人脸识别率的影响, 见表4.3。

表 4.3 ORL 中人脸识别率对比

采用的方法	分类器	识别率
PCA	最近邻分类器	86%
PCA+CSA	最近邻分类器	91.5%

#### 4.6.2 不同测试样本数对识别率的影响

本次实验选择 ORL 人脸库中每个人的第 1 幅图像(共 40 幅图像)作为训练集样本, 分别选每人的前 5 幅图像、每人的后 5 幅图像和每人的全部图像

作为测试集样本，最后使用最近邻分类器进行分类识别，识别结果如表 4.4 所示。

表 4.4 ORL 库中采用不同测试集的识别率

测试样本	PCA	PCA+CSA
每人的第 1 幅—第 5 幅 (共 200 幅，含训练集样本)	76.5%	79%
每人的第 6 幅—第 10 幅 (共 200 幅，不含训练集样本)	66%	69%
所有图像(共 400 幅)	72%	75%

由表 4.4 可以看出，在每人单张训练样本的情况下，无论是对已知样本还是对未知样本进行测试，PCA+CSA 方法的识别率均高于 PCA 方法。在第一种情况下，当测试集中的某一样本就是训练集样本时，用最近邻分类器识别，两者距离最短，这样就增加了正确分类的样本个数，因而识别准确率较其他两种情况略高。而当测试集的样本不包含训练集样本时，两者不含有共同的样本集，这就增加了分类器的错分风险，因此识别率不高。由于本实验的训练样本数太少，不能充分展示这个人在不同条件下的信息，因此识别效果并不是很好。

## 4.7 本章小结

本章详尽地介绍了克隆选择算法的原理、结构及优势。针对遗传算法容易出现早熟和收敛速度慢等问题，本文提出一种将克隆选择算法与 PCA 相结合的特征提取方法。该方法利用克隆选择算法具有较强全局搜索能力，对 PCA 变换后的特征向量进行选择，并通过仿真实验将 CSA+PCA 方法与传统 PCA 方法的识别率进行对比，验证了本文算法能有效提高人脸识别率。

## 第 5 章 两种优化算法的实验对比与分析

本文的实验部分首先介绍了实验采用的人脸数据库，以及实验的环境和系统的运行界面。在分类器的选择上，选用了常用的最近邻分类器。本文实验的重点是在 K-L 变换的特征空间的选取上。针对主成分分析法的局限性，本文分别采用遗传算法和克隆选择算法对 PCA 变换后的特征空间进行优化选取，并将这两种方法与主成分分析(PCA)方法进行实验对比，通过实验结果验证了本文方法的有效性和优越性。

### 5.1 实验条件

仿真实验均以 MATLAB 语言为平台。图像的存储和运算时，都是以矩阵或者向量的形式进行。MATLAB 语言具有多种矩阵运算功能，因而利用 MATLAB 语言进行数字图像的处理是十分方便的。实验所用的计算机软硬件配置如下：

处理器：Intel Pentium 4；主频：2.6GHZ；

显卡：NVIDIA GForce2 MX/MX 400；显存：64M；

内存：256MDDR；

操作系统：Microsoft Windows XP；

仿真软件：Matlab 7.0 版本。

实验采用被广泛使用的剑桥大学 ORL 人脸数据库和耶鲁大学计算视觉与控制中心创建的 Yale 人脸库。ORL 人脸库是发表的论文最多，应用最广泛的数据库，在人脸识别中取得了较好的效果。

Yale 库中包含 15 个志愿者的 165 张图片，分别代表不同表情、遮掩和光照条件下的正面像，其中姿态和光照变化的图像都是在严格控制的条件下采集的，主要用于光照和姿态问题的建模与分析。所有图片均为  $320 \times 243$  像素的灰度图片。Yale 库中的部分人脸样本和随机挑出的某个人 10 幅不同的样本图片见图 5.1 和 5.2。



图 5.1 Yale 人脸库部分人脸样本



图 5.2 Yale 人脸库中某人不同表情的 10 幅样本

ORL 人脸数据库是算法之间比较的首选数据库, 它由 40 个人的 400 幅灰度图像组成, 每个人都有表情变化和面部细节变化, 允许的倾斜和旋转的角度不超过 20 度。库中的部分人脸图像样本如图 5.3 所示:





图 5.3 ORL 人脸库部分人脸样本

## 5.2 两种优化算法的人脸识别对比实验

### 5.2.1 特征空间维数约减有效性实验

实验采用 ORL 和 Yale 人脸库, ORL 库中取每个人的前 5 幅图像作为训练样本, 后 5 幅作为测试样本。Yale 人脸库中取每个人的前 4 幅图像进行训练, 后 7 幅图像作为测试样本集。分别采用克隆选择算法和遗传算法对原特征空间进行优化选择, 得到新的特征空间维数见表 5.1。

表 5.1 两种优化算法降维效果对比

采用方法	数据库类型	原特征空间	新特征空间
遗传算法	ORL 人脸库	200	101
克隆选择法	ORL 人脸库	200	94
遗传算法	Yale 人脸库	105	47
克隆选择法	Yale 人脸库	105	36

在 ORL 人脸库的实验中, 原特征空间的维数是 200 维, 遗传算法约减到 101 维, 而克隆选择算法约减到 94 维。在 Yale 人脸库中, 遗传算法将 105 维降维到 47 维, 而克隆选择算法却降维到 36 维。上述数据表明, 这两种方法都对维数进行了约减, 但克隆选择算法的约减程度要优于遗传算法, 将人脸样本投影到这个新的特征空间, 就会用较少的数据表征人脸图像的全部信息, 同时也能节省了分类时间。

### 5.2.2 识别率对比实验

实验仍采用 ORL 人脸库, 取每人的前 5 幅图像作为训练样本, 后 5 幅作

为测试样本。然后分别采用传统 PCA 方法、PCA+GA 及 PCA+CSA 方法进行特征分量提取, 再通过最近邻分类器对人脸特征进行识别。通过这三种方法的识别率对比, 分析所选择的特征向量对人脸识别率的影响, 数据见表 5.2。

表 5.2 两种算法识别率对比

采用的方法	分类器	识别率
PCA	最近邻分类器	86%
PCA+GA	最近邻分类器	88.5%
PCA+CSA	最近邻分类器	91.5%

克隆选择算法将特征空间维数约减到94维, 其识别率达到91.5%, 而遗传算法选择了101维空间, 其识别率为88.5%。识别效果均比传统的PCA方法好。而克隆选择算法选择了较少的特征向量, 却达到了比遗传算法更高的识别率, 这也充分说明并不是特征向量越多越有利于分类, 而是选择到最有利于分类的特征子集。以上数据表明克隆选择算法对于特征子集的选择比遗传算法更有效。

### 5.2.3 不同训练样本数对识别率的影响实验

本次实验的目的是验证不同训练样本数对识别率的影响。实验在 ORL 和 Yale 人脸库上进行, 取每个人的前  $N(N=2,3,4,5)$  幅图像作为训练样本, 而从每个人的剩余图片中取 5 幅作为测试样本, 分别采用 PCA、PCA+GA、PCA+CSA 方法进行特征提取, 再通过最近邻分类器分类识别, 其识别率见表 5.3 和 5.4。

表 5.3 ORL 人脸库中不同训练样本数的识别率

采用方法	样本数为 2/类的识别率	样本数为 3/类的识别率	样本数为 4/类的识别率	样本数为 5/类的识别率
PCA	74.5%	79%	84%	86%
PCA+GA	78.5%	81.5%	85.5%	88.5%
PCA+CSA	81%	85 %	89%	91.5%

表 5.4 Yale 人脸库下不同训练样本数的识别率

采用方法	样本数为 2/类的识别率	样本数为 3/类的识别率	样本数为 4/类的识别率	样本数为 5/类的识别率
PCA	73.3%	80%	84%	86.7%
PCA+GA	78.7%	82.7%	85.3%	88%
PCA+CSA	80%	85.3 %	89.3%	92%

从表 5.3 和 5.4 可以观察出 PCA+CSA 方法的识别率高于 PCA+GA 方法, PCA+GA 方法的识别率高于 PCA 方法。当样本数从 2 增加到 5 时, 三者的识别率都不断升高。因而在本实验中, 识别率的高低依赖于训练样本数目的多少。当系统识别一个人的身份时, 主要通过识别算法根据已知的训练样本特征来进行推导, 存在越多有代表性的训练样本则识别效果就会越好。因此每类训练样本的个数不能太少, 太少则不能充分展示这个人在不同条件下的信息, 如不同姿态、不同光线下的人脸特征, 从而影响识别效果。

实验在 ORL 和 Yale 人脸库上进行, 取每个人的前  $N(N=5,6,7,8)$  幅图像做训练样本, 而从每个人的剩余图片中取 5 幅作为测试样本, 分别采用 PCA、PCA+GA、PCA+CSA 方法进行特征提取, 再通过最近邻分类器分类识别, 其识别率见表 5.5 和 5.6。

表 5.5 ORL 人脸库中不同训练样本数的识别率

采用方法	样本数为 5/类的识别率	样本数为 6/类的识别率	样本数为 7/类的识别率	样本数为 8/类的识别率
PCA	86%	88%	89.5%	87%
PCA+GA	88.5%	90%	93%	93.5%
PCA+CSA	91.5%	93.5%	94%	95%

表 5.6 Yale 人脸库中不同训练样本数的识别率

采用方法	样本数为 5/类的识别率	样本数为 6/类的识别率	样本数为 7/类的识别率	样本数为 8/类的识别率
PCA	85.3%	82.7%	86.6%	88%
PCA+GA	90.6%	88%	92%	94.7%
PCA+CSA	93.3%	92%	93.3 %	96%

在通常情况下,当使用的样本数增多的时候,识别率应该有所提高。但在有些情况下,引入的新样本与其他样本的差异很大,造成在特征选取时,新样本的影响起到了主要的作用,而测试样本与新样本之间的距离很大,使识别结果出现了误判。在 ORL 人脸库实验中,通过表 5.5 可以看出,PCA 方法在 8 个样本的情况下,识别率明显低于 7 个样本的情况,但采用遗传和克隆选择方法在这种情况下,识别率没有下降。

在 Yale 人脸库实验中,通过表 5.6 可以看出,PCA 方法在使用 6 个样本的识别率要明显的低于 5 个样本的识别率,这是由于 Yale 人脸库中第 6 个样本阴影很重,从而影响了识别效果。而采用遗传和克隆选择这两种方法也出现了识别率下降的情况,但下降幅度明显小于 PCA 方法。因此可以证明采用遗传和克隆选择算法进行特征提取后,再对人脸图像进行分类识别的鲁棒性要好于 PCA 方法。实验结果表明,改进方法在识别率和鲁棒性上都明显地好于传统 PCA 方法。

### 5.3 本章小结

本章对遗传算法和克隆选择算法与 PCA 变换相结合的特征提取方法进行了对比实验。在 ORL 和 Yale 人脸数据库上的实验结果表明这两种改进方法的鲁棒性要好于传统 PCA 方法,不但能有效地对 PCA 变换后的特征空间进行优化选取,还能提高识别率。而克隆选择算法凭借种群多样性好、收敛速度快等优点,有效的抑制了遗传算法的早熟现象,性能优于遗传算法。

## 结 论

人脸识别是生物特征识别技术发展到一定阶段后产生的新兴技术，它的目的是利用人脸这一生物特征来实现身份识别，从而防止密码的丢失和证件的冒充。目前，随着精神物理学、统计学、信息学、计算科学等各行各业的发展人脸识别技术也有了飞速的发展，在商业界、法律界、以及智能环境很多方面有了初步的应用。但是由于人脸识别自身的复杂性，现有的各种体系在适应性方面仍然存在很多的问题，人脸识别仍然是一项具有挑战性的研究课题。

特征提取是人脸识别系统诸多功能中应用最广泛的一种。在众多的特征提取算法中，PCA 算法是常用的经典算法，它能够有效地进行数据的转化和压缩，使得数据可以成功的投影到低维特征空间中去。但是基于 PCA 算法所提取的特征向量，并不是最有利于分类的，因此采用 PCA 算法进行特征提取存在一定的局限性。

本文是在 PCA 算法的基础上做人脸特征提取和识别的算法研究，提出了采用遗传算法和克隆选择算法与 PCA 相结合的特征提取方法。这两种方法可以很好地解决 PCA 算法存在的以上问题。综上所述，课题的主要研究工作如下：

(1) 本文实现了基于 K-L 变换的主成分分析法。通过实验结果验证了此方法对人脸的表情、姿态等变化具有很好的适应性。降维效果也比较好，是一种快速、稳定的方法。但是主成分分析法对 K-L 变换后的特征空间选取存在一定的局限性，影响了识别效果。

(2) 针对主成分分析法在特征空间选取上的局限性，本文重点研究了 PCA 变换与遗传算法相结合的特征选择方法。该方法充分利用了遗传算法的全局寻优能力，对 K-L 变换得到的特征空间进行特征向量的优化选取，以构成最有利于分类的特征子空间。在 ORL 人脸库上的实验结果表明：遗传算法和 PCA 相结合的特征提取方法有效地克服了主成分分析法对特征空间选取

的局限性，提高了识别率。

(3) 针对遗传算法早熟现象和收敛速度慢等缺点，提出了 PCA 变换和克隆选择算法相结合的特征选择方法。通过克隆选择算法对人脸特征空间进行选择。特征选择问题实质上是一个参数优化问题，在选择优化搜索策略时需要考虑的两个因素是：如何避免局部极值和如何加快搜索收敛速度。遗传算法通过染色体基因的筛选和重组，能够获得较强的全局优化功能，但是遗传算法具有模式收敛性质，难以有效维持模式的多样性，容易出现早熟现象，因而影响到遗传算法的优化效果。而克隆选择机制中存在着克隆、超变异、抗体与抗原特异性结合，未被激发得细胞消亡以及记忆细胞的产生等过程，可以维持抗体(搜索空间)多样性，并且能够保证抗体种群序列以概率 1 收敛到最优解。

(4) 将克隆选择算法与遗传算法相比较，得到的人脸识别的实验数据表明，克隆选择算法收敛速度更快、识别率高，其性能优于遗传算法。

在论文研究期间，本文对以上内容进行了深入的研究，取得了一定的成果，但研究只是阶段性的，离实际应用还有较大的距离，还可以从以下几个方面作进一步的研究：

(1) 本文采用的特征提取方法中，虽然对于质量好的人脸图像能取得较好的效果，但如何改进提高它的鲁棒性是非常值得研究的方面。对于人脸识别问题，仅靠单一的特征评估判据将不能满足人脸在复杂环境下的变化。为此，基于复合特征的人脸特征选择方法将是人脸特征选择的发展方向。

(2) 可以考虑将多种分类器组合进行分步识别，以提高识别精度。

(3) 每一种人脸识别方法都有其自身的优缺点，如何充分利用各种现有的人脸识别方法，发挥某一类方法的优点，克服另一类方法的缺点，将它们进行有效的融合，是今后的一个探索方向。

目前人脸识别系统在仿真实验环境中表现出良好的识别性能，但在现实应用中由于各种变化条件的影响，系统性能下降很多。因此人脸识别的进一步研究方向是在约束条件尽量小的条件下，如何有效的表达面部特征，使系

统能够对复杂背景下人脸快速、准确地识别，这些都是现在人脸识别过程中富有挑战性的研究工作。但是由于时间和精力有限，本课题的研究也尚待改进和探讨。

## 参考文献

- [1] 孙冬梅,裘正定.生物特征识别技术综述.电子学报,2001, 29(12): 1744-1748
- [2] 杨春晖.人脸识别技术的研究与实现.大连理工大学硕士学位论文,2004
- [3] Allen. Personal Descriptions. London: Butterworth, 1950
- [4] Parke F I. Computer Generated Animation of Faces. In: Proceedings ACM Annual Conference, 1972, 1:145-457
- [5] Harmon L D. The recognition of faces, Science of America, 1973, 229:71-82
- [6] Kaya K, Kobayashi. A Basic study on Human Recognition. In Frontiers of Pattern Recognition, New York: Academic, 1971, 261-289
- [7] 孙勇智.人工免疫系统模型算法及其应用研究.浙江大学博士学位论文, 2004
- [8] Bersini H, Varela F J. Workshop on parallel problem solving from nature. Proceeding of 1st LNCS, Springer-Verlag, 1999, 1:496-503
- [9] Hightower R, Forrest S. The effect in the immune system: learning by somatic hyper mutation, adaptive individual in evolving population. MA: Addison-wesley reading, 2000: 54-58
- [10] Chun JS, Kim MK, Jung HK. Shape optimization of electromagnetic devices using immune algorithm. IEEE Trans on Magetics, 2001, 33(2): 1876-1879
- [11] Timmis J L. An artificial immune network for multi-modal function optimization. Proceedings of IEEE CEC, 2002, 1:699-674
- [12] Carlos A, Coello C. Solving multi-objective optimization problems using an artificial immune system. Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 2002: 21-26
- [13] Du H F, Jiao L C, Wang S A. Clonal operator and antibody clone algorithm. Proceedings of the first international conference on Machine Learning and

- Cybernetics, Beijing, 2002, 1: 506-510
- [14] De Castro LN, J Fernando, V Zuben. Learning and optimization using the clonal selection principle. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2002, 6(3): 239-251
- [15] De Castro LN, J Fernando, V Zuben. The clonal selection algorithm with engineering applications. Proceedings of GECCO'00, Las Vegas, USA, 2000, 1: 36-37
- [16] Yaoguang Wei, Deling Zheng. Research of an immune clone selection algorithm and its application in heating furnace state recognition. Proceedings of 2004 International Conference on Information Acquisition, 2004: 384-387
- [17] 吴泽俊,钱立进,梁意文.入侵检测系统中基于免疫的克隆选择算法.计算机工程, 2004,6(30):50-52
- [18] 杨霞.基于主元分析法的特征脸法在人脸识别中的应用.昆明理工大学硕士学位论文, 2008
- [19] 张娜娜.基于变换域和 PCA 的人脸识别方法研究.上海师范大学硕士学位论文, 2006
- [20] 罗亚兰,陈锻生.基于彩色 Gabor 特征的人脸识别技术.中国图像图形学报, 2008,13(2):242-246
- [21] 袁崇涛.基于神经网络的人脸识别算法研究.大连理工大学硕士学位论文, 2006
- [22] 齐兴敏,刘冠梅.PCA 在人脸识别方法中的比较研究.江西蓝天学院学报, 2008.3(3):8-31
- [23] 李荣健,韩其龙,杨鑫华.改进的 PCA 人脸识别新方法.大连交通大学学报, 2008.29(4):48-51
- [24] 齐兴敏.基于 PCA 的人脸识别技术的研究.武汉理工大学硕士学位论文, 2007
- [25] 徐倩.基于主成分分析的人脸识别方法研究.苏州大学硕士学位论文, 2008
- [26] 苑玮琦,于清澄.一种基于主成分分析的人脸识别方法.激光与红

- 外,2007,37(5):478-48
- [27] 李宇.基于 SVM 的人脸识别系统得研究.科技广场, 2006.2:18-19
- [28] 王雪峰,周国标.基于 SVM 的人脸识别方法研究.上海应用技术学院学报, 2006.6(2):104-107
- [29] 耿续涛,刘辉,刘鑫.支持向量机在人脸识别中的应用研究.山西电子技术, 2007.1
- [30] 李丽.基于 SVM 的人脸识别技术研究.中南大学硕士学位论文, 2005
- [31] 谭冠群,丁华福.支持向量机方法在文本分类中的改进.信息技术, 2008.1:83-88
- [32] 吴进军,杜树新.SVM 在车牌字符识别中的应用.电路与系统学报,2008. 13(1):84-87
- [33] 徐彤阳.基于支持向量机的车辆识别技术的研究.长沙理工大学, 2005
- [34] 徐晓蓉,王强,陈洪波.基于 K-L 变换与 SVM 的数学符号识别.甘肃联合大学学报(自然科学版), 2007,21(1):53-56
- [35] 崔建忠.利用遗传算法实现人脸识别.青岛大学硕士学位论文, 2007
- [36] 武志峰,陈冬霞.基于遗传算法的特征子集选择方法.河北省科学院学报, 2006,23(3):48-50
- [37] 王磊,潘近,李成.免疫算法.电子学报, 2000,28(7):74-78
- [38] Leandro N. de Castro, Fernando J. Von Zuben. Learning and optimization using the clonal selection principle. IEEE Transaction on Evolutionary Computation, Special Issue on Artificial Immune Systems, 2001: 1-31
- [39] Hai-feng Du, Li-cheng Jiao. Clonal Operator and Antibody Clone Algorithms. Proceedings of the International Conference on Machine Learning and Cybernetics, 2002: 506-510
- [40] 杜海峰.免疫克隆计算与人工免疫网络研究与应用.博士后研究工作报告.西安电子科技大学, 2003
- [41] 周芳,邓乐斌.免疫算法与遗传算法的比较.郧阳师范高等专科学校学报, 2004,24(3):8-10

## 攻读硕士学位期间发表的论文和取得的科研成果

- [1] 王帆, 赵春晖. 基于克隆选择算法的人脸特征选择. 应用科技(已录用)

## 致 谢

在论文完成之际，我首先由衷地感谢我的导师赵春晖教授，在恩师赵老师的悉心指导下，我的论文才得以顺利的完成，这其中任何一点成绩都离不开恩师的关怀和指导。与导师相处的两年半时间，我成长了许多。导师细致的工作作风、严谨的科研态度和为人师表、热诚博爱都深深影响着我。在此，向我的导师表示深深的感谢和崇高的敬意！

同时，感谢哈尔滨工程大学信息与通信工程学院的各位老师和同学在学习与生活上中给予我的热切关心、无私帮助、殷切教诲和大力支持！感谢同在实验室一起学习的同学：王楠楠、任龙涛、刘凡、刘巍、王炜微和赵擎天在学习上给予我的帮助和指导以及生活上给予我的关心和支持！

感谢我的家人，感谢他们从声讯中传来的理解和关爱，给予我精神上的鼓励和物质上的支持，使我能顺利完成学业，我以后将加倍报答他们。

最后，对参加论文评阅的各位专家致以诚挚的谢意！