

分类号

密级

江南大学

硕士 学位 论文

题 目： 遗传匹配追踪算法的研究与改进

英文并列题目：
Research and Improvement for
Genetic Matching Pursuits

Algorithm

研 究 生： 李亚文

专 业： 信号与信息处理

研 究 方 向： 语音信号处理

导 师： 于凤芹 教授

指导小组成员：

学位授予日期： 2011. 6. 23

答辩委员会主席： 潘丰

江 南 大 学

地址： 无锡市蠡湖大道 1800 号

二〇一一年六月

独 创 性 声 明

本人声明所呈交的学位论文是本人在导师指导下进行的研究工作及取得的研究成果。尽我所知，除了文中特别加以标注和致谢的地方外，论文中不包含其他人已经发表或撰写过的研究成果，也不包含本人为获得江南大学或其它教育机构的学位或证书而使用过的材料。与我一同工作的同志对本研究所做的任何贡献均已在论文中作了明确的说明并表示谢意。

签 名： 李亚文 日 期： 2011.6.15

关于论文使用授权的说明

本学位论文作者完全了解江南大学有关保留、使用学位论文的规定：江南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和磁盘，允许论文被查阅和借阅，可以将学位论文的全部或部分内容编入有关数据库进行检索，可以采用影印、缩印或扫描等复制手段保存、汇编学位论文，并且本人电子文档的内容和纸质论文的内容相一致。

保密的学位论文在解密后也遵守此规定。

签 名： 李亚文 导师签名： 于风华
日 期： 2011.6.15

摘要

基于匹配追踪算法的稀疏分解，通过寻找字典中与信号局部内积最大的原子，选择有限个原子来逼近信号，在信号压缩和特征提取等方面受到广泛的关注。但由于匹配追踪算法遍历式耗尽搜索使计算量过大而应用范围受限，本文为解决算法遍历性的耗尽搜索而导致寻优时间过长的问题，在遗传匹配追踪(GMP:Genetic Matching Pursuits)算法的基础上做了如下几个内容：

第一，提出将比例选择、最优保存策略、排序选择相结合的选择算子改进方法。改进的选择算子首先通过最优保存策略保护最优个体来抑制排序选择或比例选择的随机性，然后重新设计概率表，进化初期采用线性概率以提高群体多样性；进化后期采用比例选择的概率来加快收敛速度。将改进的选择算子引入到 GMP 中，来抑制过早熟达到减少搜索原子时间的目的，通过人工合成信号和语音实际信号的仿真实验结果表明，这种改进选择算子的 GMP，从迭代次数和搜索时间两方面的改进是有效的。

第二，采用拉普拉斯交叉算子引入 GMP 来降低搜索最优原子的时间。拉普拉斯交叉算子首先根据父代群体拉普拉斯分布得到其密度函数并将其两个系数带入算术交叉算子中实现父代控制子代降低子代破坏优良个体的概率，以减少最佳原子的个数。仿真实验结果表明这种改进交叉算子的遗传匹配算法，在残差能量和搜索时间两方面的改进是有效的。

第三，提出一种基于群体多样性控制变异概率的变异算子改进方法。该变异算子将群体多样性作为控制变异概率自适应改变的参数，首先计算出当代群体的多样性的值，变异概率与多样性成反比，群体多样性较高时，降低变异概率可减少对优良个体的破坏，群体多样性较小时，则提高变异概率可拓展新的搜索空间增强局部搜索能力。这种改进选择算子的遗传匹配算法分解语音信号‘a’，所用时间缩短了 5.54%，仿真实验结果表明从搜索时间方面的改进是有效的。

关键词： 稀疏分解；遗传匹配追踪算法；选择算子；交叉算子；变异算子

Abstract

Sparse decomposition based on the matching pursuit algorithm looks for the atom which has the best Inner product with local signal in the dictionary ,and chooses finite atoms to approximate signals. It has a lot of attention signal compression and feature extraction etc widely attention. But the exhausted searching of matching pursuit algorithm dues to the application scope limited, aiming at this problem there is something done as follow based on genetic matching pursuit:

First, a new selection operator has been proposed which combined the proportion selection, optimal elitist, and ranking selection ,which protects optimal individuals by optimal elitist protection to suppress the randomness from proportion selection firstly, then redesign probability table, which uses linear probability initially to improve population diversity, Later chooses proportional selection to accelerate the convergence. This improved operator introduced by genetic matching pursuits is to reduce searching time.Synthetic speech signal and the actual signal simulation result indicates that genetic matching pursuit algorithm through the improved selection operators is effective in terms of residual energy and search time.

Second, the algorithm is improved by the laplace crossover in which the parent of the Laplace distribution density function coefficients replace the arithmetic crossover operator coefficients, through the parent control of offspring production. Simulation results show that the improved genetic matching pursuit algorithms is effect.from the residual energy and searching time.

Third, a new mutation operator named diversity mutation operator is proposed to improve genetic matching pursuits algorithm, which is moderated by the colony diversity. Mutation higher the population diversity is, lower the probability of mutation is. When the population diversity is small, big mutation rate is needed to raise the population diversity. However, When the population diversity is big, small mutation rate is needed to avoid destroy optimal individuals. Simulation results show that searching time is down by 5.54% by the improved genetic matching algorithms compared with genetic matching pursuits in conference 15.

Keywords: sparse decomposition; genetic matching pursuits; selection operator; crossover operator;mutation operator

目 录

摘 要	I
Abstract	II
第一章 绪论	1
1.1 论文选题依据	1
1.2 匹配追踪算法研究现状	2
1.3 遗传算法的研究现状	3
1.4 本文的主要工作	4
1.5 论文结构	4
第二章 遗传匹配追踪原理	7
2.1 稀疏分解	7
2.2 匹配追踪算法原理	9
2.3 遗传算法原理	12
2.3.1 遗传算法基本概念	12
2.3.2 遗传算法基本步骤	12
2.4 遗传匹配追踪算法原理	16
2.5 本章小结	18
第三章 基于改进选择算子的遗传匹配追踪算法	21
3.1 改进的选择算子描述	21
3.2 基于改进的选择算子的遗传匹配算法	22
3.3 仿真实验与结果分析	22
3.4 本章小结	27
第四章 基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪算法	29
4.1 拉普拉斯交叉算子描述	29
4.2 基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪算法	29
4.3 仿真实验与结果分析	30
4.4 本章小结	33
第五章 基于多样性变异算子的遗传匹配追踪算法	35
5.1 多样性变异算子描述	35
5.2 多样性变异算子的遗传匹配追踪算法	36
5.3 仿真实验与结果分析	36
5.4 本章小结	39
第六章 总结与展望	41
6.1 论文的工作总结	41
6.2 下一步工作展望	42
致 谢	43

参考文献.....	45
附录 A:作者在攻读硕士期间发表的论文.....	49

第一章 绪论

1.1 论文选题依据

近年来信号的稀疏表示越来越引起国内外广泛的关注和研究，人们试图用一组个数最少的基函数的线性组合来表示任意一信号，即稀疏表示，其中基函数应能够反映待分析信号的局部特征，稀疏分解的目的是通过基函数来抓住信号的主要特征。正交稀疏分解有傅里叶变换、短时傅里叶变换和小波变换，傅里叶用正弦函数来逼近信号，短时傅里叶用时频分辨率不变的窗函数来度量信号时频特征，小波变换通过对母小波的平移和伸缩对信号进行多尺度细化分析。这类方法的基函数均有较强的物理意义，对于某些特定类型的信号能够取得较好的表示效果。但这类表示方法都试图使用性质相同的一类基函数来表达任意的信号，对于含有多种成分的非平稳信号，用单一形式的基函数，对信号空间的机械划分会导致信号中完整分量被截断，而且适合特定信号类的正交基和最小完备函数集合一般难以得到^[1]。为了得到信号更加稀疏的表示，基必须在空间中足够的密，进而导致基的正交性不再被保证，此时的基也不是真正意义上的基，由于其时频特征的聚集性而改称为原子，这些原子组成的集合是过完备的，因而称为过完备原子库。将信号在过完备原子库上展开的稀疏分解方法就是匹配追踪(MP:Matching Pursuits)算法^[2]，由于原子库的过完备性，使原子可以灵活地改变特性，也就使 MP 算法能够得到与信号时频特征最匹配的原子，这种灵活的表示方法被广泛地应用于信号分析的各个领域，可用于去噪^[3]、信号压缩^[4]、图像处理^[5]等，在信号的时频分布等研究方面的应用更是值得关注。在这方面国内起步比较晚，但发展速度很快，通过诸多人的努力有一定的进展。

但由于 MP 遍历式耗尽搜索使计算量过大而应用范围受限^[6]，为了解决这个问题很多人提出了改进的方法，舒维杰等利用人工鱼群算法实现基于 MP 的信号稀疏分解^[7]，王春光等提出基于粒子群优化匹配追踪使原子库更大使搜索得到的原子更能反映原信号的结构特点^[8]，Adelino、Stefanoiu D 等提出将遗传算法（GA: Genetic Algorithm）引入匹配追踪算法^[9]，Felipe 提出的进化追踪^[10]，它从几个不同的字典中实现最优化过完备分解等。

本文选择基于遗传匹配追踪算法(GMP:Genetic Matching Pursuits)作为研究对象，GMP 模仿自然进化原理寻找最佳匹配原子来代替原始匹配追踪算法的遍历式耗尽搜索，即通过对群体遗传和进化过程中选择、交叉、变异机理的模仿形成自适应的寻优过程^[11]，GMP 在牺牲 MP 残差能量收敛性的前提下使得算法的计算量大大减轻。但由于引进遗传算法其带来的自身的缺点导致算法不可避免的影响，主要原因是来自遗传算法的三大算子：选择算子、交叉算子、变异算子^[12]，选择算子易使算法陷入局部收敛导致得到的原子并非全局最优原子，交叉和变异算子易破坏最优原子导致搜索时间增加。虽然 GMP 的理论早已经被提出，但在这方面的研究并不是很深入，很多人只是将遗传算法在匹配追踪算法分解信号应用一下^{[13][14][15][16]}，并没有在 GMP 上面进入深入研究，所

以本文的主要工作是对三大算子进行改进以使算法在残差能量迭代过程和迭代次数之间达到平衡，从而使匹配追踪寻找最优原子的时间缩短。首先对选择算子进行了改进，改进的选择算子将比例选择、最优保存策略、排序选择相结合，通过最优保存策略保证最代群体中最优个体不被破坏，在初期用排序选择适当的提高多样性抑制收敛防止过早熟进而减少搜索速度，在后期得到最优原子后用比例选择使算法快速收敛；然后采用了拉普拉斯交叉算子并将其引入遗传匹配追踪算法中，拉普拉斯交叉算子通过父代群体控制子代的产生以防止过度的破坏优良个体性状，进而减少了迭代次数；再次提出了一种基于群体多样性控制变异概率的变异算子，利用群体的多样性自适应控制变异概率来降低搜索时间。

1.2 匹配追踪算法研究现状

1993 年 Mallat S 和 Zhang Z 首次提出基于稀疏分解和过完备原子库的匹配追踪算法^[2]，但 MP 由于遍历式耗尽搜索使计算量过大而无法广泛运用，国内外的学者在各个领域提出了相应改进匹配追踪的算法，主要是从两个方面改进的，一是从原子库和原子的改进，二是搜索过程优化。

原子库和原子的改进：邵君等人提出的基于将原子库集合划分，一个原子代替一个集合的方法缩小原子库的大小从而达到提高计算速度的目的^[17]； Ferrando 提出基于 Gabor 字典的随机匹配追踪，在迭代过程中通过多个随机展开所给出的信号，由于多条支路同时展开，速度明显有所提高^[18]； Felipe 提出一种新的方法：进化追踪，它从几个不同的字典中实现最优化过完备分解，它依靠进化计算技术来最优化自适应逼近，寻求最佳逼近某一信号看作是一个随机优化进程^[10]； Vera-Candeas P 提出感知域匹配追踪，它的主要贡献是最小的感知失真测度的定义，每一次迭代的追踪是在 Bark 域选择最佳原子^[19]； Mark 等提出基于 wave-based 词典的匹配追踪改进，这种方法利用非线性迭代过程将给定的波形投影到词典上^[20]；邓承志等提出种多原子快速匹配追踪信号稀疏分解算法，通过每次迭代过程中选取多个原子实现信号的快速稀疏分解，在此基础上通过构造多尺度脊波字典实现图像的稀疏分解^[21]；陈林等提出基于 Morlet 小波匹配追踪算法，并将其应用到地震时频属性提取^[22]； Xu P 和 Yao D 提出改进的匹配追踪算法使用两个原子库使得分解的信号更加稀疏^[23]； Miroslav 和 Laura 提出基于交换法则的细致正交匹配追踪策略，该策略通过递归正向和反向双正交技术来实现的^[24]；尹忠科、王建英和邵君提出基于原子库结构特性的信号稀疏分解^[25]。

搜索过程优化： Adelino 提出将遗传算法引入匹配追踪算法即遗传匹配追踪算法 GMP 模仿自然进化原理寻找最佳匹配原子来代替原始匹配追踪算法的遍历式耗尽搜索，即通过对群体遗传和进化过程中选择、交叉、变异机理的模仿形成自适应的寻优过程^[9]； Stefanoiu D 提出用遗传算法改进匹配追踪算法，用模仿自然进化原理，寻找最佳匹配原子来代替原始匹配追踪算法的遍历式耗尽搜索^[11]； Phillips 提出基于滤波器设计的匹配追踪，用来定位信息检测目标的各种特征分量，通过产生能够允许同时分解多重图像的匹配追踪算法设计匹配追踪滤波器^[26]；李强提出模板匹配、取样匹配阈值和形状

校验匹配的方法减少无用算法^[27]; 高飞等人提出用误差最小原则代替内积最大原则的方法来简化匹配追踪算法^[28]; 孙敬远和孟庆丰提出了一种改进的匹配追踪算法, 用于检测机械振动信号, 这种算法不需要构造参数化的基函数, 将待观察信号分解为一系列波形组合, 这些波形由非参数波形估计方法计算得来来匹配信号的局部结构, 算法中的模板信号自适应调整使得不需要具有任何信号的先验知识^[29]; 邵君等还提出基于 FFT 的 MP 算法改进, 把信号稀疏分解中计算量很大的内积运算转换成互相关运算, 然后用 FFT 实现互相关运算, 从而大大提高了信号稀疏分解的速度^[30]; 赵玉娟提出子空间匹配追踪, 用于克服匹配追踪算法中的过匹配现象, 加速算法收敛速度^[31]; 陈发宇于 2007 年提出了一种原子字典索引的快速匹配追踪生成算法, 根据地震信号的频带特征缩小原子库的频率范围, 依据地震信号的波形特征缩小原子库的尺度范围, 实现利用对地震信号的先验知识收缩原子库的扫描范围^[32]; 舒维杰提出将人工鱼群算法运用到信号的稀疏分解中, 可快速寻找匹配追踪算法过程中的每一步分解得到的最佳原子^[7]; 王春光提出把粒子群优化算法用于稀疏分解的最优匹配原子的搜索, 能降低稀疏分解复杂度, 同时减少稀疏分解的超完备字典对存储空间的占用, 以提高用稀疏分解理论进行信号处理的计算效率, 满足或接近实时性的要求^[8]; Matthieu K 提出基于随机模型的信号稀疏展开的方法, 此方法从两个正交的基中通过随机系数, 将信号建模成一个稀疏线性波形展开^[33]; 高强等提出了将遗传算法和匹配追踪算法有机的结合在一起^[13]; 高瑞等提出了基于在过完备原子库集合划分的基础上, 分两个阶段进行搜索, 并运用遗传算法快速寻找 MP 每步迭代分解的最佳原子^[15]; 范虹等人提出提出了一种用浮点数和格雷码混合编码的遗传算法, 实现了匹配追踪算法的快速分解, 而且有效地降低了计算量^[16]; 周忠根和水鹏朗提出了由时频分布引导的四参数子空间的匹配追踪算法, 该算法由时频分布确定 chirp 原子的时频中心, 用模板匹配法搜索最优原子的尺度和调频率, 通过这种方法将计算复杂度从四维搜索降到二维^[34]; 马建华等提出利用核匹配追踪算法进行雷达高分辨距离成像识别^[35]; Liu Q 提出竞争匹配追踪算法, 通过自适应调节原子库来寻找最优原子^[36]。

1.3 遗传算法的研究现状

遗传算法的研究重点是三大算子: 选择算子、交叉算子和变异算子。

现有的选择算子有 Ting K 等人提出的破坏性选择通过目标函数与适应函数非线性变换使优良个体和较差个体都被选择^[37], 但这种方法使算法过于随机性; Liu Z 等提出选择概率用重新设计的排序表来保证群体的多样性, 但排序表非常依赖于具体问题^[38]; Li N 等人采用的 Negative Selection 用于解很差的情况下收敛得到全局最优值^[39]; Li Y 提出动态竞争选择, 将群体分为若干个子群体, 然后通过竞争选择最优个体^[40]; Anca 提出基于群体中的个体遗传相关性的选择算子^[41]。

现有的交叉算子有: 单点交叉、双点交叉、均匀交叉、算术交叉, 单点交叉特点是操作简单但搜索能力弱; 双点交叉较单点交叉搜索能力并没有明显的提高; 均匀交又能够产生较好的新个体且破坏能力较小, 当染色体长度过大均匀会降低运算效率; 采用算术交叉可以解决这一问题, 而算术交叉则必须设计适当的系数; Ling S H 提出了平均约

束交叉算子，通过产生四个染色体，并且用适应度最高的两个子个体代替父个体^[42]；Deep K 和 Thakur M 提出了拉普拉斯交叉算子，通过群体的拉普拉斯特性的系数控制交叉运算^[43]。

变异算子：Ling S , Leung F 提出的小波变异算子将 Morlet 小波的母小波控制变异运算提高收敛速度^[43]；Fan Q 提出的 BP 变异算子实际上是基于期望值的误差最速下降法，该方法前提条件是有一组最优期望值^[44]；Li H 提出双重变异算子用两个父代个体产生一个子代个体，变异方法与产生一个个体相同^[45]；Anca D 提出能量分布变异算子，通过父代群体能量分布系数作为子代群体变异概率^[46]；Renato T 通过个体的适应度改进了变异概率^[47]；Liu D 将交叉和变异顺序调换并用个体适应度改进变异概率^[48]；然而这些改进的变异算子，都不能很好的解决既提高群体的多样性又降低变异运算的破坏性问题。

1.4 本文的主要工作

本文首先介绍了稀疏分解原理以及几种时频原子，研究了匹配追踪算法和遗传算法，重点研究了遗传匹配追踪算法，并分析了该算法的优缺点和存在的各种问题。在对 GMP 基础上对遗传三大算子：选择算子、交叉算子、变异算子进行改进以达到减少搜索最佳原子时间和迭代次数的目的。

本文的主要研究工作具体包括以下几个方面：

(1) 提出将比例选择、最优保存策略、排序选择相结合的选择算子改进方法，首先通过最优保存策略保护最优个体来抑制排序选择或比例选择的随机性，然后重新设计概率表，进化初期采用线性概率以提高群体多样性；进化后期采用比例选择的概率来加快收敛速度。通过人工合成信号和语音实际信号的仿真实验结果表明，这种改进选择算子的遗传匹配追踪算法，从残差能量和搜索时间两方面的改进是有效的。

(2) 采用将拉普拉斯交叉算子引入 GMP 降低交叉算子的破坏性，使寻优时间降低。首先根据父代群体拉普拉斯分布，得到概率密度函数并将其两个参数带入算术交叉中，实现父代控制子代降低子代破坏优良个体的概率，并通过算术交叉中的随机数拓展空间。实验结果表明，基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪算法，从迭代次数和搜索时间两方面的改进是有效的。

(3) 提出一种基于群体多样性的变异算子改进 GMP 使搜索最优原子的时间降低。该变异算子将群体多样性作为控制变异概率自适应改变的参数，群体多样性较高时，降低变异概率可减少对优良个体的破坏，群体多样性较小时，则提高变异概率可拓展新的搜索空间增强局部搜索能力。仿真实验结果表明，这种改进选择算子的遗传匹配追踪算法，从残差能量和搜索时间两方面的改进是有效的。

1.5 论文结构

第一章主要介绍了选题依据，匹配追踪算法的研究背景、意义以及本文的主要工作。

第二章主要介绍本章介绍了稀疏分解的原理以及相关的理论如内积空间、Hibert 空间等，介绍了时频原子，匹配追踪算法原理以及算法的优缺点，还有遗传算法原理和算

法步骤，并着重介绍了遗传匹配追踪算法原理。

第三章主要描述一个改进的选择算子，用来改进遗传匹配追踪算法以达到缩短搜索原子的时间，改进的选择算子将比例选择、最优保存策略、排序选择有机的相结合，并将这种选择算子引入遗传匹配追踪算法，使得算法搜索原子的时间缩短。

第四章主要介绍基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪算法，引入拉普拉斯交叉算子的目的，是为了解决交叉算子易破坏优良个体导致算法收敛速度降低的问题，拉普拉斯交叉算子通过父代群体控制子代群体，抑制交叉算子破坏优良个体，使算法收敛速度提高。

第五章提出一种基于群体多样性的变异算子，该变异算子主要用来调节群体多样性和基因重组之间的矛盾，提高多样性可保证遗传算子正常发挥进化和重组效应，而过多的产生新个体必然破坏现有的优良的个体，从而影响寻找最佳原子的速度。为了解决这个问题，将群体多样性作为控制变异概率自适应改变的参数，通过控制变异概率的产生间接控制变异运算，使群体多样性和基因重组达到平衡。

第六章对本文的研究内容和方法进行了总结，并对以后的研究工作进行了展望。

第二章 遗传匹配追踪原理

本章介绍稀疏分解的原理以及相关的理论如内积空间、Hibert 空间等，并且介绍几种时频原子，以及匹配追踪算法原理和算法的优缺点、遗传算法原理及其算法步骤，并着重介绍遗传匹配追踪算法原理。

2.1 稀疏分解

正交稀疏分解变换是将信号分解在一组完备的正交基上，如傅立叶变换，短时傅立叶变换，小波变换等。随着信号分解理论的发展，正交基展开不足的问题越来越突显，基展开是用一个有限的函数或向量集合去表示任意信号，由于基展开函数是固定有限的，从而表达信号的能力和范围也就有限。近年来信号的非正交分解引起研究者越来越多的兴趣，为了实现对信号更灵活、简洁、自适应的表示，Mallat、Zhang在小波变换的基础上，提出了信号在过完备库上分解的思想，灵活地选择与信号局部时频特征相匹配原子，以达到更加精确地逼近信号结构。

稀疏分解是将任一信号分解成个数最少的基函数的线性组合^[49]，对于任意长度的实信号 $f \in H$ ，长度为 N ，那么可以从所选取的基 $B = \{g_{rk}, k=1, 2, \dots, K\}$ 中找到一个由 m 个向量基所组成的线性组合：

$$f = \sum_{k=0}^{m-1} c_k g_{rk} \quad (2.1)$$

基展开系数 c_k 是信号与各个基做内积得到的， m 的值要求尽可能的小。稀疏分解基展开有两种，正交基展开和基于过完备原子库的展开，常用的正交分解包括傅立叶变换，短时傅立叶变换，小波变换。傅立叶变换是将信号的时间域转换到频率域上，是一种古老而经典的信号分析方法，在这里就不再赘述。短时傅立叶变换如式(2.2)所示，

$$STFT(u, \xi) = \int_{-\infty}^{+\infty} f(t) g_{u, \xi}^*(t) dt = \int_{-\infty}^{+\infty} f(t) g(t-u) e^{-j\xi t} dt = \langle f(t), g_{u, \xi}(t) \rangle \quad (2.2)$$

u 是时间轴上的中心， ξ 是频率轴上的中心， $g(t-u) e^{-j\xi t}$ 是在时间轴和频率轴同时平移一个窗函数后得到的，通过窗函数不断的移动可以提取信号局部信息，但也正是由于窗函数宽度是固定的，限制了短时傅立叶变换应用范围。于是引入了小波变换，小波变换如式(2.3)所示，

$$WT(a, b) = \int_{-\infty}^{+\infty} f(t) \psi_{a, b}^*(t) dt = \int_{-\infty}^{+\infty} f(t) \frac{1}{\sqrt{a}} \psi\left(\frac{t-b}{a}\right) dt = \langle f(t), \psi_{a, b}(t) \rangle \quad (2.3)$$

a 是尺度， b 是位置， $\psi(t)$ 是母小波。与短时傅立叶一样，小波变换也具备时频局部化特性，能够提取信号的时频局部特性。

与短时傅立叶变换不同的是小波变换中引入了尺度参数，在不同的尺度下，小波函数的时频支撑区域是不同的，时频窗口的大小不再固定。从而可以根据不同的需要，如可以根据高频和低频不同特性，使时频窗口变窄或加宽。从式(2.2)和式(2.3)可看出小波变换与短时傅立叶变换都可表示成内积的形式。

根据 Heisenberg 测不准原理^[61], 可知短时傅立叶和小波变换的时频窗的面积至少是 $1/2$ 。而基于 MP 的稀疏分解将信号在过完备原子库展开的目的就是想打破测不准原理, 使 MP 更好地揭示信号的时频特征。虽然 MP 不可以表示成式(2.3), 但也与之密切相关。

基于 MP 的稀疏分解和正交稀疏分解有两个相同点: 第一, 都可以表示成式(2.1)的基展开; 第二, 都需要信号与基做内积, 并将内积值做为基展开的系数。

两者的区别是正交稀疏分解的基是确定的, MP 的基是非固定且自适应的, MP 的分解具有连锁反应即下一步依赖上一步, 这也是‘追踪’的由来, 也是和正交稀疏分解的重要区别, 使 MP 比正交分解更能构造高效的逼近。

在介绍基于匹配追踪算法的稀疏分解之前有必要先介绍内积空间、Hilbert 空间和常用的时频原子^[50]。

设 X 是复线性空间, 如果对 X 中任何两个向量 a 、 b , $a = (\xi_1, \xi_2, \dots, \xi_n)$, $b = (\eta_1, \eta_2, \dots, \eta_n)$, 那么:

$$\langle a, b \rangle = \xi_1 \overline{\eta_1} + \xi_2 \overline{\eta_2} + \dots + \xi_n \overline{\eta_n} \quad (2.4)$$

称 $\langle a, b \rangle$ 为 a 与 b 的内积, X 为内积空间, 其中 $\overline{\eta_i}$ 表示 η_i 的复共轭, 并且内积与向量 a 的长度有以下关系:

$$\|a\| = \sqrt{\langle a, a \rangle} \quad (2.5)$$

称由式(2.5)定义得到的范数为内积导出的范数, 所以内积空间 X 是一种特殊的赋范空间, 若(2.5)式中范数完备, 则称为 Hilbert 空间, 完备是指对 H 上的任意柯西序列必收敛于 H 上的某一点。

对于不同领域不同问题所设计的时频原子和对应的原子库会有所不同, 下面介绍几种常用的时频原子。

首先所有原子必须满足这些要求^[2]: 假设 $g(t)$ 是 $O(1/(t^2 + 1))$ 存在且连续可微的实函数, 并且使 $\|g\|=1$ 、 $g(t)$ 的积分非零和 $g(0)\neq 0$, 在现有的理论中有以下几种原子:

(1) Gabor 原子, 原型原子由高斯函数构成^[2], Gabor 原子表示为:

$$g_\gamma(t) = \frac{1}{\sqrt{s}} g\left(\frac{t-u}{s}\right) e^{i\xi t} \quad (2.6)$$

其中 $g(t)$ 为高斯函数, s 为伸缩参数, u 为平移参数, ξ 为频率参数。伸缩参数决定了原子在时域的宽度, 平移参数决定原子在时域包络的中心位置, 频率参数决定原子在频域包络的中心位置。

(2) Chirp 原子, 基于 Gabor 原子, 经伸缩、平移、频移和频率倾斜得到的 Chirp 原子^[54]:

$$g_r(t) = \frac{1}{\sqrt{s}} g\left(\frac{t-u}{s}\right) \exp(j(\xi(t-u) + \frac{c}{2}(t-u)^2)) \quad (2.7)$$

时频参数 $\gamma = (s, u, \xi, c)$, s 是尺度参数, u 是平移参数, ξ 是频移参数, c 是信号在时频平面内的斜率。很显然瞬时频率 $w(t)=\xi + c(t-u)$ 随时间线性变化。

(3) FM^m 原子, 在 Chirp 原子的基础上, 增加了调频指数项, 新原子如下^[55]:

$$g_r(t) = \frac{1}{\sqrt{s}} g\left(\frac{t-u}{s}\right) \exp(j2\pi(1+r(\frac{t-u}{s}))^m \xi(\frac{t-u}{s})) \quad (2.8)$$

$\gamma = (s, u, \xi, r, m)$ 是时频参数, 其中 s 是尺度参数, u 是平移参数, ξ 是频移参数, r 是调频率, m 调频指数。FM^mLet 原子实质上是具有多项式相位的原子。

(4) Ricker 原子, Ricker 原子的时域表达^[56]:

$$g_r(t) = (1 - 2\pi^2 \xi^2 t^2) \exp(-\pi^2 \xi^2 t^2) \quad (2.9)$$

t 为时间参数, ξ 为频率参数。主要应用于地震信号分解^[32]。由于本文所涉及的是语音信号, 所以本文采用的是 Gabor 原子。

2.2 匹配追踪算法原理

窗口傅立叶变换不能描述非平稳信号, 所有的波形都具有同一个正比于窗口大小的固定尺度参数; 小波变换虽然以变尺度的时频原子分解信号, 但是因为小波类是被设计成频率参数局限于尺度参数的反比关系, 因此小波帧展开的系数不能对波形的频率内容进行类似傅立叶变换那样的精确估计, 特别是在高频部分, 为了克服窗口傅立叶变换和小波变换的缺陷^[6], Mallat 和 Zhang 在 1993 在小波分析的基础上提出了信号在过完备原子库上稀疏分解的匹配追踪算法^[2], MP 算法是一种迭代逼近的贪婪算法, 通过灵活改变原子, 自适应地选择与信号局部时频特征相匹配的原子^[57], 打破了测不准原理。

基于 MP 的稀疏分解将信号在过完备原子库上展开, 过完备原子库 D 由原子 $g_{\gamma_n}(t)$ 组成, $g_{\gamma_n}(t)$ 是 Gabor 原子。图 2-1 是匹配追踪算法分解信号示意图。

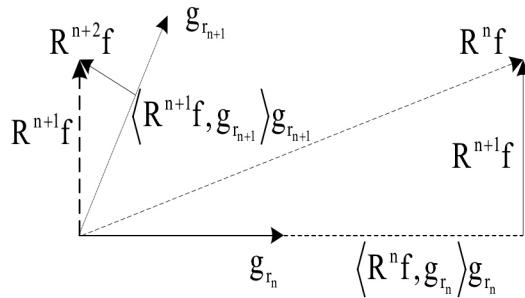


图 2-1 匹配追踪分解信号 f 示意图

Fig.2-1 Matching Pursuits decomposing signal f

图 2-1 中 $R^n f$ 代表第 n 步分解后残差信号, 图中包含了两步迭代。当残差 $R^n f$ 的 $n=0$ 即为初始信号 f , MP 算法首先将信号 f 正交投影到过完备原子库 D 中所有原子上, 并与所有原子做内积 $\langle f, g_{r_n} \rangle$, 选择内积值最大的原子作为第 1 个最优原子 g_{r_0} , 并将内积 $\langle f, g_{r_0} \rangle$ 做为信号 f 在原子分量上的系数, 再从信号 f 中减去在原子上的分量得到第一次迭代后的残差 $R^1 f$, 检查残差 $R^1 f$ 是否小于设定阈值, 若小于则对残差信号继续分解即寻找与之内积值最大最优原子, 并将 $R^1 f$ 投影到该原子上。 $R^n f$ 选取对应的最优原子的标准可表达成:

$$|\langle R^n f, g_{r_n} \rangle| \geq \alpha \sup |\langle R^n f, g_r \rangle| \quad (2.10)$$

即选取与残差 $R^n f$ 内积值最大的原子作为第 n 个最优原子，第 $n+1$ 次迭代后的残差为 $R^n f$ 减去 g_{γ_n} 分量：

$$R^{n+1} f = R^n f - \langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle g_{\gamma_n} \quad (2.11)$$

实际中一般不用(2.10)式作为判定通式而取：

$$|\langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle| = \sup |\langle R^n f, g_r \rangle| \quad (2.12)$$

由于是正交投影分解所以残差 $R^n f$ 的能量为：

$$\|R^n f\|^2 = |\langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle|^2 + |R^{n+1} f|^2 \quad (2.13)$$

经过证明对于任意信号 f 属于 Hilbert 空间^[54]，根据式(2-13)和(2-15)所得到的残差序列 $\{R^n f(t)\}_{n=0, \dots, +\infty}$ ，满足 $\lim_{n \rightarrow \infty} \|R^n f(t)\| = 0$ ，由此证明 $\{R^n f(t)\}$ 为柯西序列，当 $N \rightarrow \infty$ 时可得：

$$f = \sum_{n=0}^{\infty} \langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle g_{\gamma_n} \quad (2.14)$$

由式(2.14)可知当 $N \rightarrow \infty$ 时，残差能量为 0，迭代过程收敛，且能量守恒：

$$\|R^n f\|^2 = \sum_{n=0}^{\infty} |\langle R^n f(t), g_{\gamma_n}(t) \rangle|^2 \quad (2.15)$$

当 $|R^n f|$ 小于设定的残差阈值时停止迭代，迭代结果为：

$$f = \sum_{n=0}^{m-1} \langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle g_{\gamma_n} + R^m f \quad (2.16)$$

当 $|R^m f|$ 能量很小时可以忽略不计：

$$f = \sum_{n=0}^{m-1} \langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle g_{\gamma_n} \quad (2.17)$$

本文所采用的原子为 Gabor 原子，从式(2.6)可知，原子有三个参数分别是伸缩、平移、频率，索引 γ 是一个元素的集合 $\Gamma = R^+ \times R^2$ ，它的元素是在整个 N 维的 Hilbert 空间 $H=R^N$ 内的单位矢量， K 远大于 N ，Gabor 原子经过调制后：

$$g_{\gamma}(t) = \frac{1}{\sqrt{s}} g\left(\frac{t-u}{s}\right) \cos(\omega t + \varphi) \quad (2.18)$$

其中因子 $1/\sqrt{s}$ 作用是将 $g_{\gamma}(t)$ 的范数归一化。时频参数 $\gamma=(s, u, \omega, \varphi)$ ， s (伸缩)、 u (平移)、 ω (频率)、 φ (相位)，过完备原子库的大小由四个参数的范围决定。时频参数可以按这种方法将 γ 离散化： $\gamma=(a^j, pa^j \Delta u, ka^{-j} \Delta v, i \Delta w)$ ，其中， $\Delta u = 1/2$ ， $\Delta v = \pi$ ， $\Delta w = \pi/6$ ， $0 \leq j \leq \lg_2 N$ ， $a=2$ ， $0 \leq p \leq N 2^{-j+1}$ ， $0 \leq k < 2^{j+1}$ ， $0 \leq i \leq 12$ 。通过对式(2.18)和离散化的结果可推导出过完备原子库中原子的个数，其计算公式如下^[6]：

$$L_D = 52(N \log_2 N + N - 1) \quad (2.19)$$

设待分解信号的长度 $N=1024$ ，通过计算可知原子库原子个数为 585676，对于原子库，第一种方法事先生成完整的原子库，对于普通的计算机而言，内存一般存储不了 585676 个原子，本文介绍另一种方法，这种方法不形成完整的原子库，图 2-2 是匹配追

踪算法流程图。

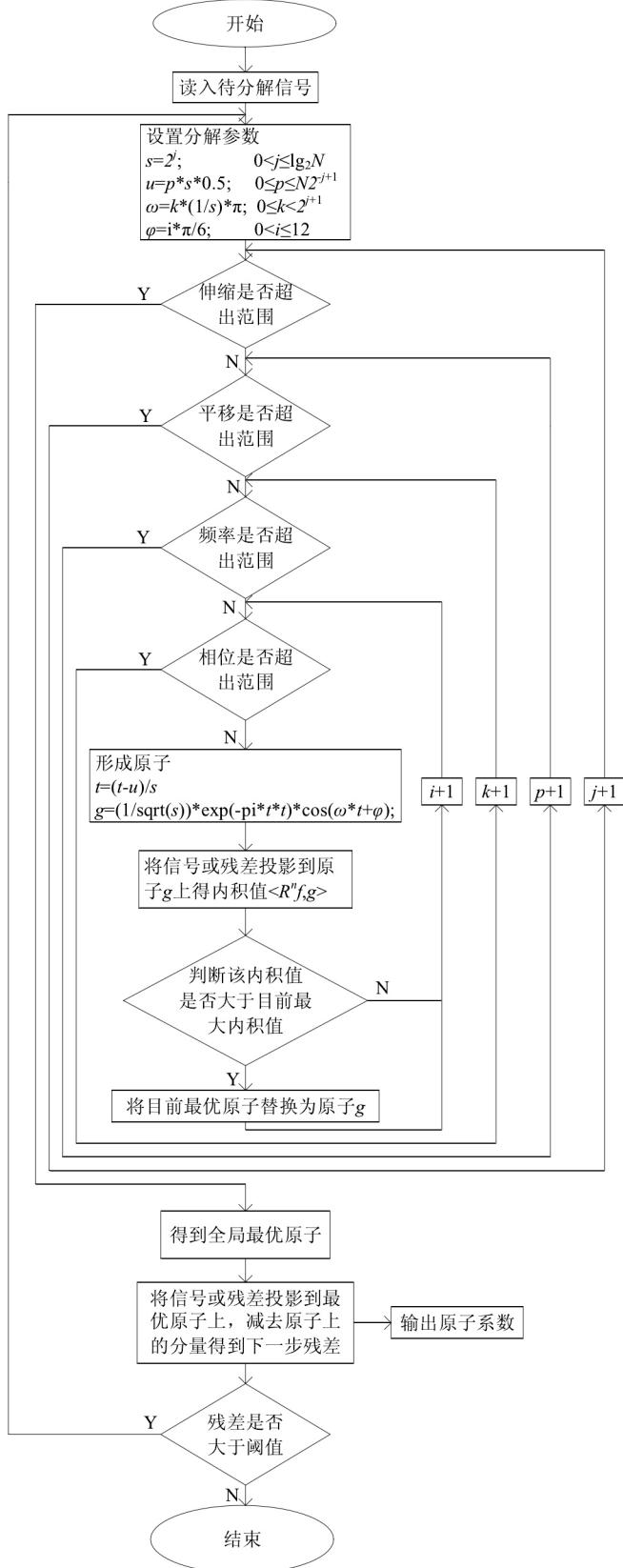


图 2-2 匹配追踪算法流程图

Fig.2-2 Flowchart of matching pursuits algorithm

如图2-2所示，首先读入待分解信号后，设定残差阈值，四参数(伸缩 s 、平移 u 、频率 ω 、相位 φ)范围，通过内参数 j 、 p 、 k 、 i 的迭代实现 s 、 u 、 ω 、 φ 的循环迭代。形成原子库的方式是实时的，即每生成一个原子，就与信号或残差做内积得内积值，然后将内积值与目前最大的内积值做比较，若该内积值大于最大内积值则将该原子替换为目前最优原子，删除生成的原子，最终得到信号或残差的最优原子及其系数，判断残差能量是否大于阈值，条件成立继续分解。遍历参数空间的具体过程是确定某个参数不变，然后依次搜索另外三个参数，由于MP有四个参数，所以寻优算法要遍历搜索四重循环，搜索时间随循环层数的增加成指数增加，基于MP的稀疏分解成功的关键就是使用巨大的完备原子库，所以随之带来的问题是如何有效地处理原子库^[6]。

2.3 遗传算法原理

遗传算法(GA:Genetic Algorithms)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概率搜索算法。它最早由美国密执安大学的 Holland 教授提出，经过几十年的研究总结，由 Goldberg 进行归纳总结出遗传算法的基本框架^[12]。

GA 是一个参数优化算法，以编码空间代替问题的参数空间，将适应度函数作为评价依据，以编码群体为进化基础，对群体中个体遗传操作实现遗传机制，建立迭代过程，跟具体的优化对象没有直接联系，只需优化对象提供目标函数的计算标准和参数的上下限，就可得到最优结果。

2.3.1 遗传算法基本概念

基本遗传算法中相关概念有：个体编码、个体适应度、遗传算子、运行参数等。个体编码：编码除了决定个体的基因排列形式之外，还决定了个体从搜索空间的基因型交换到解空间的表现型的解码方法，编码方法也影响到交叉算子、变异算子等遗传算子的运算方法；个体适应度：个体适应度是用来衡量当前群体中个体被选择复制到下一代群体中的主要标准；常用的遗传算子有三种：选择运算，GA 通过一定规则将部分个体选择复制到下一代群体中；交叉运算，它的作用是将个体中的基因相互交换并产生新的个体，变异运算，模仿细胞分裂复制环节因偶然因素的影响，而产生基因变异的过程，将个体编码串中的某些基因座上的基因值，用该基因座的其他等位基因来替换；个体运行参数，有下述 4 个运行参数需要提前设定：群体大小即个体的个数、进化代数、交叉概率、变异概率。

2.3.2 遗传算法基本步骤

(1) 首先对优化对象的参数进行编码：把一个问题的可行解从其解空间转换到遗传算法所能处理的搜索空间的转换方法就称编码，编码是遗传算法的关键之一，一个好的编码要兼顾编码效率和对遗传算子操作的可行性，目前还没有完整且严谨的编码制定规则，编码的长度根据具体问题要求的精度而定，现有的编码可以分为三类，一种是二进制编码、浮点数编码、符号数编码^[58]。

(a)二进制编码：在遗传算法中，二进制是一种比较常见的编码，个体的基因由{0,1}组成，由优化对象的参数的范围量化后转为二进制范围，设某一参数 α 的取值范围 $[a,b]$ ，

精度为 l , 二进制编码的长度也为 l , 量化单位为 $\sigma = \frac{b-a}{2^l - 1}$, 量化过程:

$$\begin{aligned} & 0000\cdots0000----a \\ & 0000\cdots0001----a + \sigma \\ & \quad \dots \\ & 1111\cdots1111----b \end{aligned}$$

设有一个体编码 X 为: $x_l x_{l-1} x_{l-2} x_{l-3} \cdots x_4 x_3 x_2 x_1$, 则解码为:

$$x = a + \left(\sum_{i=1}^l x_i \times 2^{i-1} \right) \frac{b-a}{2^l - 1} \quad (2.20)$$

该编码方法简单易行, 对后续遗传操作很方便, 但该编码局部搜索能力差, 所以有人提出局部搜索相对较强的格雷码。

(b) 格雷码: 设有任意个体二进制码为 $Y = y_l y_{l-1} y_{l-2} y_{l-3} \cdots y_4 y_3 y_2 y_1$

二进制转换格雷码公式: $y_l = x_l$, $y_i = x_{i+1} \oplus x_i \quad i = l-1, l-2 \cdots, 1$

格雷码转换二进制公式: $x_l = y_l$, $x_i = y_{i+1} \oplus y_i \quad i = l-1, l-2 \cdots, 1$

格雷码的优点任意两个整数的差是这两个整数所对应的格雷码之间的海明距离, 使得个体在跳变的时候, 相邻两个个体之间差异只有一位, 不会导致剧烈变动。二进制形式编码存在量化误差, 并且初始化后必须解码增加时耗, 当精度要求很高时, 编码的长度就会很长, 庞大的计算量是无法忍受的。故有人提出浮点数编码。

(c) 浮点数编码: 实际上就是实数编码, 直接根据参数范围形成寻优范围。浮点数编码适合于表示范围较大的数且精度要求较高的算法。

(d) 符号数编码: 是指个体串中的基因值取自一个无数值含义而只有代码含义的符号集 χ 。 χ 可以是一个字母表如 [A, B, C, D...]; 也可以是一个数字序号表, 如 [1, 2, 3, 4, 5...] 等等。

(2) 产生初始种群: 若编码方式是二进制编码, 随机形成若干个二进制数, 通过一定规则使二进制数对应的实数在参数范围内, 即可形成初始种群; 若编码为浮点数编码, 直接生成若干组随机数, 这些数也必须在参数范围内, 即形成浮点数编码的初始种群^[12]。

(3) 计算个体适应度值: 通过给定的目标函数 f 和个体 X 求得的函数值转化为个体适应度值, 再进行个体评价, 这也是遗传算法的特点即只需所求问题的目标函数值可知下步的搜索信息, 为避免适应度出现负值需进行以下变换, 若目标函数为最大值问题则适应度函数:

$$fit(y) = \begin{cases} f(X) - c_{\min}, & f(X) > c_{\min} \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (2.21)$$

式(2.24)中 c_{\min} 为一个适当地相对较小的数, 若目标函数为最小值问题则适应度函数:

$$fit(y) = \begin{cases} c_{\max} - f(X), & f(X) < c_{\max} \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (2.22)$$

式(2.25)中 c_{\max} 为一个适当地相对较大的数, c_{\min} 和 c_{\max} 的主要目的是将目标函数值调整为求最大值问题, 并且所有值都为正数。个体被遗传到下一代群体中的概率是由该个体的适应度来确定的, 适应度值大的被复制到下一代群体当中的个数就多, 反之则少^[12]。

(4) 选择运算: 在生物的遗传、自然进化过程中, 对生存环境适应程度高的物种有更多的机会遗传至下一代, 而对生存环境适应程度较低的物种获得遗传的机会就相对较少, 模仿这个过程, 遗传算法使用选择算子来对群体中的个体进行优胜劣汰操作: 适应度较高的个体被遗传到下一代群体中的概率较大; 适应度较低的个体被遗传到下一代群体中的概率较小, GA 中的选择操作就是用来确定如何从父代群体中按某种方法选取哪些个体遗传到下一代群体中的一种遗传运算, 选择操作建立在遗传算法对个体的评价基础上, 最常用的选择算子是比例选择算子, 个体被选中的概率与个体的适应度成正比:

$$p = \frac{fit(i)}{\sum_i^M fit(i)} \quad (2.23)$$

式中 $fit(i)$ 代表个体适应度, 适应度越高的个体被选中的概率越大反之越小, 除比例选择外还有最优保存策略、确定式采样选择、无回放随机选择、排序选择、随机联赛选择等选择算子, 最优保存策略是将每代群体中适应度最高的个体保存起来不参与交叉、变异等遗传运算, 并用它替代本代经过交叉、变异遗传运算后适应度最低的个体; 确定式采样选择首先计算得到每个个体在下一代群体的期望数目:

$$N_i = M \cdot \frac{fit(i)}{\sum_i^M fit(i)} \quad (2.24)$$

取 N_i 的整数部分 N'_i , 并将小数部分按大小降序排序, 按照这个新的顺序, 取整数部分前 $M - \sum_i^M N'_i$ 个个体加入到下一代群体; 无回放随机选择首先得到每个个体在下一代群体的期望数目 N_i , 若某一个个体参与了交叉运算, 则它在下一代群体中的期望数减去 0.5, 否则减去 1, 当减至为 0 时就不再被选中; 排序选择是将个体按适应度的大小降序排序, 根据具体的求解问题设计一个概率分配表, 并按顺序将概率依次赋给个体; 随机联赛选择从群体中随机选取 N 个个体并从中选择适应度最高的个体进入下一代, 重复上述步骤 M 次得到大小为 M 的下一代群体^[12]。

(5) 交叉运算: 在生物的进化过程中, 两个同源染色体通过交配重组形成新的染色体从而产生出新的个体, 交叉算子模仿这个环节, 对两个相互配对的个体, 按某种方式相互交换其部分基因形成两个或一个新的个体, 一般配对的方式是随机配对, 交叉的原则是既不要太多地破坏优良个体又要有效地产生新的个体, 最常用的交叉算子是单点交叉算子, 在父代个体串中随机设置一个交叉点, 以已设定的交叉概率相互交换部分基因位:

$$\begin{array}{ccccccccc} x_l & x_{l-1} & x_{l-2} & x_{l-3} & x_{l-4} & x_{l-5} & \cdots & x_2 & x_1 \\ \downarrow & & & & & & & & \\ y_l & y_{l-1} & y_{l-2} & y_{l-3} & y_{l-4} & y_{l-5} & \cdots & y_2 & y_1 \end{array} \longrightarrow \begin{array}{ccccccccc} x_l & x_{l-1} & x_{l-2} & x_{l-3} & x_{l-4} & x_{l-5} & \cdots & y_2 & y_1 \\ \downarrow & & & & & & & & \\ y_l & y_{l-1} & y_{l-2} & y_{l-3} & y_{l-4} & y_{l-5} & \cdots & x_2 & x_1 \end{array}$$

这种交叉算子破坏个体的优良性状的可能性最小, 除此之外还有多点交叉、平均交

叉、算术交叉等，多点交叉类似于单点交叉，只是交叉点多于一个而已，平均交叉实际上是多点交叉的极限即每个基因位都参与交叉，算术交叉将随机选中的两个个体进行线性组合得到新的个体，线性公式可根据具体问题设定，例：

$$X^{t+1} = \alpha Y^t + (1-\alpha) X^t$$

$$Y^{t+1} = \alpha X^t + (1-\alpha) Y^t$$

α 为一参数， X^t 和 Y^t 是本代群体的个体， X^{t+1} 和 Y^{t+1} 是下代群体的个体^[14]。

(6) 变异运算：在生物的遗传进化过程中，细胞分裂复制环节会产生一些复制差错导致生物发生某种变异，从而产生出新的性状。虽然发生这种变异的可能性比较小，但它也是产生新个体关键环节，GA 模仿变异环节引入变异算子来产生新的个体，即将个体编码串中某些基因用其他等位基因来替换形成一个新的个体，一个物种的基因特性在一定时期内是稳定不变的，即变异是小概率事件，所以变异运算是辅助运算，变异概率必须很小否则会破坏整个群体的基因稳定性，同时变异又是不可或缺的，加入变异运算可减缓群体陷入局部最优并提高局部寻优能力和算法的过早熟现象，常用的变异算子是基本位变异：随机指定个体的某一个位或多个位以已设定的变异概率进行基因值替换：

$$110101011 \rightarrow 111101011$$

由上式看可知随机选择了个体的第三位上的基因进行变异，除此之外的变异算子还有均匀变异、边界变异、非均匀变异、高斯变异，均匀变异依次将个体的每个基因，以已设定的变异概率用服从均匀分布的随机数代替；边界变异随机取基因座的两个对应边界基因值之一去替代原有基因值；非均匀变异即在均匀变异的基础上将随机数改为非均匀分布的数；高斯变异用服从均值为 μ 、方差为 σ^2 的正态分布的随机数依次代替原基因座上的基因值^[12]。遗传算法寻优的每次迭代过程一般需要三个步骤即选择、交叉和变异运算，本文给出遗传操作的示意图，如图 2-3 所示。

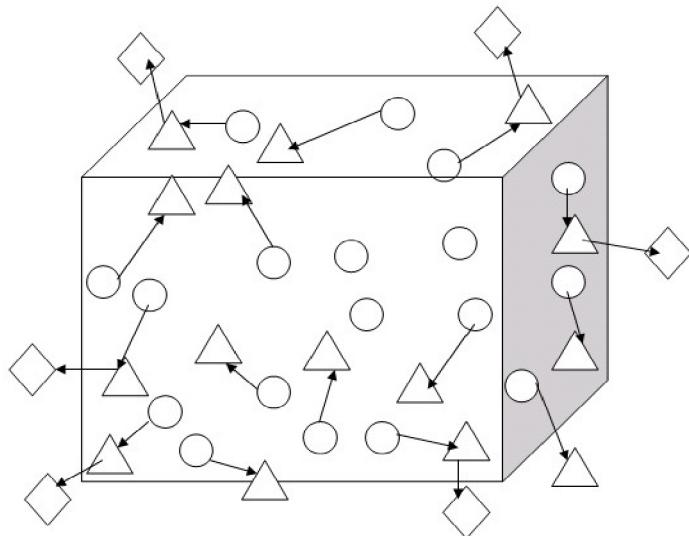


图 2-3 遗传算法寻优示意图

Fig.2-3 Genetic algorithm finding optimal diagram

在图2-3中，长方体空间代表由初始种群确定的寻优空间，第一步选择运算，图中

的圆圈代表经初步选择后群体中适应度较高的个体；第二步交叉运算，三角形代表交叉配对后的个体；第三步变异运算，菱形代表变异后的个体。从图中可知遗传进化主要依靠交叉运算，变异运算只是辅助操作。交叉运算和变异运算的主要区别在于交叉只在初始种群确定的范围内进行操作，而变异则在初始种群范围之外的参数空间进行操作，初始种群确定的范围是参数空间的子空间。从遗传学的角度来看就是交叉只是将现有的基因信息进行互换重新组成新的个体，所以基因信息可以预知，而变异操作则是进行基因突变，产生了未知的基因信息或称为变种。图2-3所示的寻优过程是遗传算法完成一次迭代的过程，寻找一个最优参数需经过数次迭代。

遗传算法以优化变量的编码作为运算对象，传统的优化算法一般直接利用决策变量的实际值本身来进行优化计算，但遗传算法不是直接以决策变量的值，而是以决策变量的某种形式的编码为运算对象，这种对决策变量的编码处理方式，使优化计算过程中可以借鉴生物学中染色体和基因等概念，可以模仿自然界中生物的遗传和进化等机理，也使得我们可以方便地应用遗传操作算子，特别是对一些无数值概念或很难有数值概念，而只有代码概念的优化问题，编码处理方式更显示出了其独特的优越性。

2.4 遗传匹配追踪算法原理

由于GA是一个参数优化算法，只需优化对象提供目标函数的计算标准和参数的上下限，就可得到最优结果，而MP算法在寻找最优原子时给出了原子参数的范围和最优原子的计算公式，遗传算法和匹配追踪结合起来使匹配追踪算法的计算大大简化^[9]。虽然GMP分解得到的原子和MP相比之下可能不是最佳原子，但通过缩短每步迭代时间来增加迭代次数可以得到弥补。图2-4是遗传匹配追踪算法示意图。

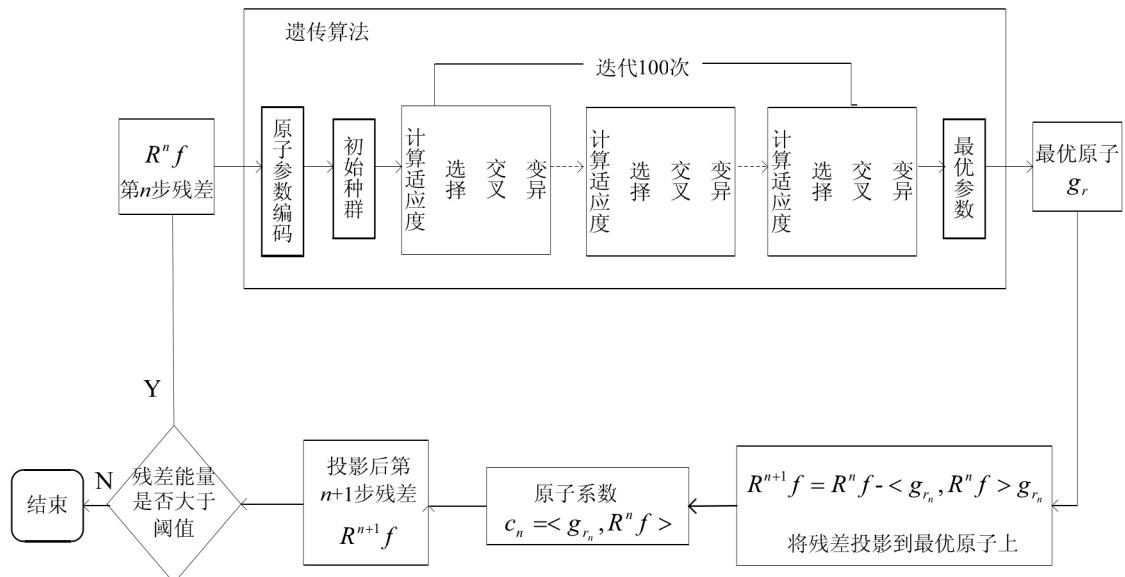


图 2-4 遗传匹配追踪算法示意图
Fig.2-4 Schemes of genetic matching pursuits

第一步，将待分解的初始信号 f 带入算法中，当残差 $R^n f$ 的 $n=0$ 即为初始信号 f 。设定遗传迭代次数和残差阈值，以及种群规模 $Size$ 、代数规模 G 、参数编码长度 d 等。根据给

定MP中原子四个参数 s 、 u 、 ω 、 φ 的上下限范围进行编码，并随机形成初始种群，初始种群的作用相当于确定参数空间的一个子空间。种群中有Size个个体，每个个体就是一组参数。初始种群中的个体并不一定有最优解，而是通过不断的进化过程中产生最佳个体，设定第一代为 $p(1)$ 。

第二步，对群体进行解码，解码的过程是对编码的逆向过程，本章2.3.2小节对此有详细论述。

第三步，计算每个个体适应度值，先将个体中的参数带入式(2.18)得到对应的原子，再将残差投影到该原子上得到内积值即该个体适应度值，内积值可根据公式(2.4)计算得到。

第四步，根据个体的适应度值对个体进行选择运算，选择算子对群体中的个体进行优胜劣汰操作，即一般情况下适应度值越高的个体被选择复制到下一代的概率越大。例如比例选择，将个体适应度值比上总适应度值，再乘上群体规模就得到该个体被复制的个数，由此看出适应度较高的个体被遗传到下一代群体中的概率较大，适应度较低的个体被遗传到下一代群体中的概率较小。选择算子对算法的影响至关重要，它关系到被选择到下一代个体的质量，它具有保护群体的收敛性和降低群体的多样性双重作用，一方面收敛性是最终得到最优解的前提，另一方面在保障收敛性的同时会降低多样性，从而导致局部收敛，产生过早熟现象，最终影响寻找最佳原子的速度^[12]。

第五步，将复制到下一代的个体进行交叉运算，若是二进制编码形式的群体，随机选择交叉点和产生一个0到1之间的数，若设定的交叉概率大于该随机数则进行交叉运算否则进入下一步；若是浮点数编码形式的群体，产生一个0到1之间的数，判断交叉概率是否大于该数，条件成立则直接算术运算反之进入下一步。交叉算子主要功能是将现有的基因信息随机重新组合，产生新的个体，产生新个体可以延伸搜索空间并加快算法收敛，但过多的产生新个体会破坏优良个体降低收敛速度，从而影响寻找最佳原子的速度。

第六步，将第五步所得的个体进行变异运算，若是二进制编码形式的群体，则随机选择变异点以变异概率将该位置反，若是浮点数编码形式，以变异概率直接进行算术变异。变异算子具有提高群体的多样性和破坏优良个体的双重作用，提高多样性可保证遗传算子正常发挥进化和重组效应，而过多的产生新个体必然破坏现有的优良个体，从而影响寻找最佳原子的速度。

第七步，判断当前群体 $p(m)$ 的代数 m 是否小于代数规模 G ，条件成立则将群体继续进行遗传操作，即选择、交叉和变异运算，若条件不成立则将遗传操作得到的最优参数带入式(2.18)得到某最优原子体 g_m 返回到MP中，由图2-4可知一般情况下 $G=100$ 。

第八步，将残差 $R^n f$ 投影到 g_m 上，得到在原子上的分量 $\langle R^n f, g_m \rangle g_m$ 和下一步残差 $R^{n+1} f$ ，判断 $R^{n+1} f$ 能量是否小于阈值，若条件成立则程序结束，否则将残差 $R^{n+1} f$ 作为待分解信号带回遗传操作，经过迭代最终得到一系列原子和其投影系数。

MP算法迭代得到的每一个原子都是和待分解信号时频特征最匹配的原子，只要信号不变无论运行多少次结果都一样，而遗传匹配追踪算法由于不可避免地陷入局部收

敛，所以得到的原子可能不是最匹配的，并且每次运行的结果肯定不一样，这是由于遗传算法的随机性所决定的。图2-5显示的是参数空间示意图。

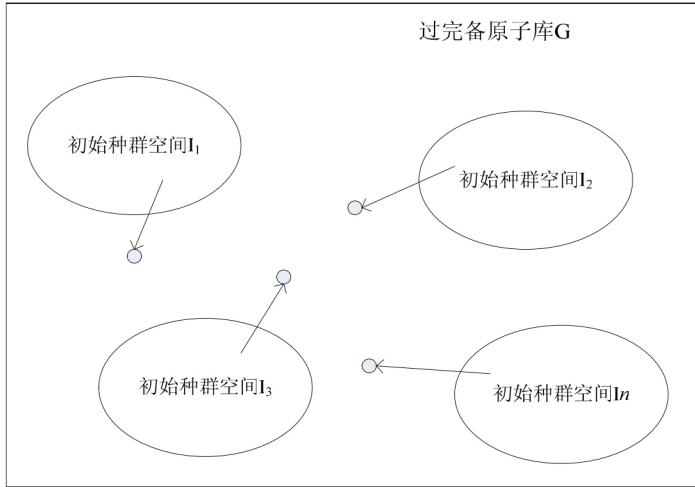


图2-5 参数空间示意图

Fig.2-5 Parameters space schemes

如图 2-5 所示，MP 将信号在过完备原子库上展开，信号必须与库中每个原子做内积，选取内积值最大的原子作为其中一个‘基’，而 GMP 随机产生一个初始种群作为寻优空间代替原子库 G，各初始种群所形成的空间为过完备原子库 G 的子空间，在子空间的寻优过程如图 2-3 所示，并且各子空间是随机形成，子空间之外的原点代表各子空间的变异算子，变异运算目的在于拓展各自的子空间，防止遗传操作陷入局部收敛，由于变异运算是破坏个体的运算，所以变异概率必须非常低，如果变异概率很大，由图 2-5 可知，遗传运算将变为毫无规律的随机运算。

GMP 的优点是在牺牲原子匹配性的基础上减少每步寻找最优原子的时间，遗传匹配追踪算法相比于 MP 算法的遍历四参数空间搜索计算量大大降低，通过以上的推理可得知 GMP 的原子库个数的公式如下：

$$L_D = \text{Size} * G \quad (2.25)$$

设 $\text{Size}=30$, $G=100$, 那么寻找一次最优原子所需的原子库大小为 3000 个，缩减率为 99.48%，由于 GMP 牺牲原子匹配性必然导致原子个数增加，所以要使运行总时间降低，必须控制原子个数，即在残差能量和迭代次数之间寻找平衡点的问题。

2.5 本章小结

本章研究了稀疏分解原理，各种稀疏分解目的都是想抓住信号的主要特征，稀疏分解最重要的问题是找到一个准则，说明如何选取一基组，使它本质上适合于表示所要处理的信号类。

正交的稀疏分解方法都无法满足那些具有强烈时频局部化特性的信号，这就要求时频原子库具有广泛的时频特性，也就是存在冗余度，使信号能够被分解成和信号时频特征相匹配的特定波形，虽然小波基是冗余的，但冗余度不够。

分析了相关的理论如内积空间、Hilbert 空间等，介绍了几种时频原子并分析各自的

应用领域，研究了匹配追踪算法原理，以及遗传算法，并着重研究了遗传匹配追踪算法原理，分析了三大算子对算法的影响程度。

第三章 基于改进选择算子的遗传匹配追踪算法

为了解决选择算子既要提高群体的收敛性又要防止降低群体多样性的问题，本章节提出一个改进的选择算子，使遗传匹配追踪算法搜索原子的时间进一步缩短。改进的算子将比例选择、最优保存策略、排序选择有机的相结合，并通过实验验证其有效性。

3.1 改进的选择算子描述

比例选择(PS:Proportional Selection)是一种回放式随机采样的方法，个体被选中的概率与其适应度大小成正比，由于是随机操作，这种选择误差比较大，适应度较高的个体也有可能被忽略而不被选择，这会导致局部收敛，使所选择的原子不是和残差或信号最匹配的原子，进而增加迭代的次数，也会增加搜索的时间；最优保存策略(ES:Elitist Selection)的思想是当前群体中的最优个体不参与交叉运算和变异运算而是将它保护起来，将交叉、变异后适应度值最低的个体替换成最优个体，并参与到下一代群体中的运算，ES 的优点是当前最优个体不会被破坏，缺点是局部最优不易被淘汰反而快速扩散；排序选择(RS:Rank-based Selection)的主要思想是：对群体中的所有个体按其适应度大小进行排序，基于这个排序来分配备个个体被选中的概率，其具体操作步骤：

- (1) 根据适应度大小对个体进行排序。
- (2) 设计一个符合具体要求的概率分配表，将各个概率值按 (1) 中的顺序分配给个体。
- (3) 以个体的概率值作为其能够被遗传到下一代的概率。

该选择方法难点在于设计概率表，这个设计没有公式可循，只能预先根据实际情况设计，由于具体选中哪一个个体仍是使用了随机性较强的比例选择方法，适应度较大的个体仍有可能被淘汰而不能遗传到下一代，所以排序选择方法仍具有较大的选择误差。

而基于 PS、ES 和 RS 的改进选择算子则没有以上几个问题，该方法保证了最优个体不被破坏或淘汰，而且不会陷于局部搜索，既提高了原子的匹配性而且加快了算法收敛。首先通过最优保存策略保护最优个体来抑制排序选择或比例选择的随机性，然后重新设计概率表，进化初期采用排序选择的线性概率以提高群体多样性；进化后期采用比例选择来加快收敛速度。

具体操作是当种群代数小于 60，选择概率为线性等差分布的概率，与适应度没有直接联系，线性概率提高适应度低的个体被选择的概率，以增加群体基因的丰富性；当种群代数大于 60，采用比例选择以加快算法的收敛，个体被选择复制到下一代的个数为比例选择概率乘上种群规模。保存策略一直与两种选择方法结合在一起，在每代群体中选出适应度最高的个体不参加其他遗传操作直接复制到下一代并将适应度最低个体替换成适应度最高的个体。

排序选择起到调节群体的多样性的作用，而比例选择使群体的收敛速度提高，排序选择提高多样性不是最终目的，而是防止比例选择陷入局部收敛，引导比例选择逼近最优解。排序选择的出现起一个丰富多样性的作用，增加各种可能性，例如一个种群的基因越丰富，它的抗干扰性也越高，不会全军覆没，但是排序选择的调节也要有一个度，

过度的调节会使群体陷入振荡。

3.2 基于改进的选择算子的遗传匹配算法

基于改进的选择算子的遗传匹配追踪(IGMP:Improved Genetic Matching Pursuit)算法步骤如下。

步骤一 初始化：种群规模 $Size=30$ 、代数规模 $G=100$ 、MP的残差阈值为0.0001、最优个体 $BsJ=0$ 等，根据参数的上下限初始化种群。

步骤二 计算初始种群中每个个体的目标函数，由于目标函数和适应度函数都是求最大值，则适应度函数 a 直接等原子和残差或信号之间的内积。

步骤三 计算个体被选择复制的概率，由适应度函数得到概率表的初始值计算公式如下：

$$p^0(i) = \frac{a(i)}{\sum_i a(i)} \quad (3.1)$$

$a(i)$ 为各个体的适应度值。为保证群体的多样性，自适应概率表设计如下：

$$p^{t+1}(i) = \begin{cases} \frac{a(i)}{\sum_i a(i)}, & t > 60 \\ \frac{(1/Size)^t p^t(Size) - Size^t (p^t(Size) - p^t(1)) * (i-1)/(Size-1)}{(1/Size)^t p^t(Size) - Size^t (p^t(Size) - p^t(1)) * (i-1)/(Size-1)}, & t \leq 60 \end{cases} \quad (3.2)$$

$p^{t+1}(i)$ 为第 $t+1$ 代第 i 个个体被选择的概率，如公式(3.2)所示，当群体代数小于60采用排序选择，大于60时采用比例选择。在分配概率表之前将每代群体中适应度最高的个体与全局变量 BsJ 进行比较，如果其大于全局变量则替换全局变量，全局变量不参加交叉、变异等操作，再次给所有个体分配概率，每个个体被复制到下一代的个数等于其被选中的概率乘上种群规模。

步骤四 交叉运算：本文采用单点交叉运算，个体随机两两相互配对产生15个组合，以基因点为中心相互交换基因信息。生成一个随机数，如果交叉概率大于此随机数则执行交叉运算。

步骤五 变异运算：本文采用基本位变异，将指定的基因位上的值取反获得新的基因信息。生成一个随机数，如果变异概率大于此随机数则执行变异运算。

步骤六 判断遗传操作是否迭代结束，否则回到步骤三。如果结束则返还到MP中，得出最优个体即每次MP迭代的最优原子的参数，由参数计算出最优原子 $g_\gamma(t)$ ，再将原子和残差或信号作内积得到原子的系数。判断残差是否小于0.0001，是则结束程序，否则将残差等参数返还到遗传操作中。

3.3 仿真实验与结果分析

首先确定遗传参数，编码方式为格雷码编码，交叉类型为单点交叉，交叉概率0.8，变异类型为基本位变异，变异概率为0.1，种群规模100，种群代数200。然后通过以下公式离散化四个参数形成参数空间：

$$s = a^j, u = pa^j \Delta u, \omega = ka^{-j} \Delta \omega, \varphi = i \Delta \varphi \quad (3.3)$$

其中 $a = 2$ 是伸缩因子, $\Delta u = 1/2$ 是平移最小间隔, $\Delta \omega = \pi$ 是频率最小间隔, $\Delta \varphi = \pi/6$ 相位最小间隔, $0 < j \leq \lg_2 N, 0 \leq p \leq N2^{-j+1}, 0 \leq k < 2^{j+1}, 0 \leq i \leq 12$ 。 j, p, k, i 是四个参数的内参数。

由于参数 s, u, ω, φ 的上下限比较复杂, 不适合初始种群, 转而用内参数 j, p, k, i 初始化种群, 当得到一组最优参数时, 将这组参数回带到 s, u, ω, φ 中。

本文首先使用模拟信号 $f(t)$ 进行测试, $f(t)$ 如下:

$$f(t) = (1/\sqrt{280}) * \exp(-3.14(t-200)/280) * (t-200)/280 * \cos(1 - 8 * ((t-200)/280)) \quad (3.4)$$

其中 $t \in (0, 399)$, 如图3-1所示是人工合成信号。

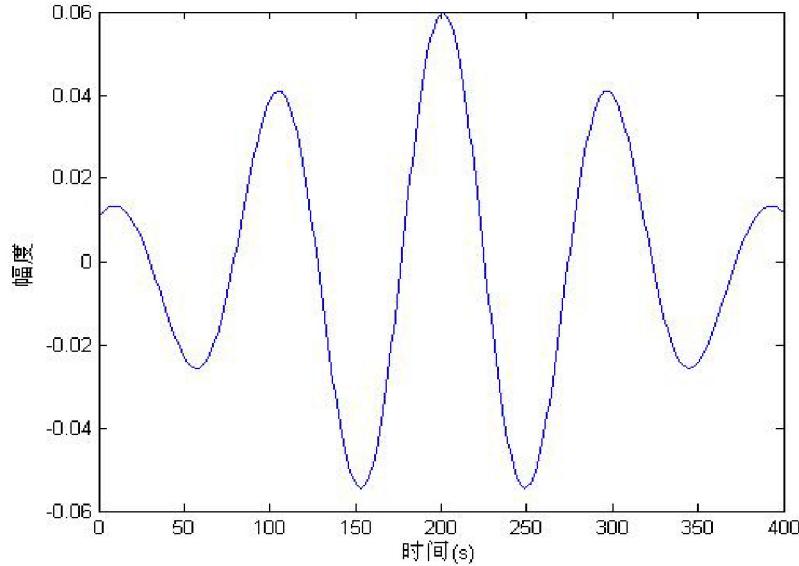


图3-1 人工合成信号原信号

Fig.3-1 Original signal of synthetic signal

用改进的遗传匹配追踪算法分解合成信号 f , 迭代分解后得到一组最优参数, 表3-1 所示的是合成信号分解后的最优参数的值, 每组参数有四个参数, 分别为平移参数(u)、尺度参数(s)、相位参数 ω 、频率参数 φ 。由于篇幅原因表中所示只是部分最优参数。

表3-1 每代群体最优一组参数

Tab.3-1 Optimal parameters in each generation group

	$m=1$	$m=2$	$m=3$	$m=4$	$m=5$	$m=6$	$m=7$	$m=8$	$m=9$
s	51.3736	26.8059	54.9003	34.6010	12.8781	17.3610	46.6320	19.8932	22.1146
u	178.0334	248.8989	157.509	99.4820	293.8651	344.8507	39.8302	303.0030	203.5075
ω	0.0991	0.1953	0.0763	0.1461	0.3317	0.0579	0.1066	0.2997	0.2478
φ	4.7382	1.9245	1.9036	1.6700	3.8475	4.1673	4.7331	1.6915	2.9205

表3-1中, m 为遗传迭代次数, 每组参数皆为遗传匹配追踪算法通过遗传迭代一百次所得到的最优参数, 而迭代一次代表对30个个体进行遗传操作。故而每得到一组最优参数只需 $30 \times 100 = 3000$ 个原子, 而不需要 585676 个原子的过冗余原子库, 在减轻计算量的同时残差能量的收敛性就不能保证, 通过缩短每步迭代时间来增加迭代次数可以得到弥补这一缺陷。

表3-2是原始匹配追踪算法^[6]、文献中的遗传匹配算法和本文改进的遗传匹配追踪算法之间通过运行时间和迭代次数的比较：

表3-2 不同算法的人工合成信号运行时间比较

Tab.3-2 The comparison of runtime between algorithms for synthetic signal

算法	迭代次数	平均运行时间(s)
MP	20	0.7378e+001
GMP	56	54.7344
IGMP	38	45.4688

由表3-2可以证明本文提出的选择算子是有效的，改进的算法有效的克制住过早熟现象从而提高了寻找最优原子的速度，降低了迭代次数，运行时间也有所缩短。图3-2是人工合成信号残差迭代图。

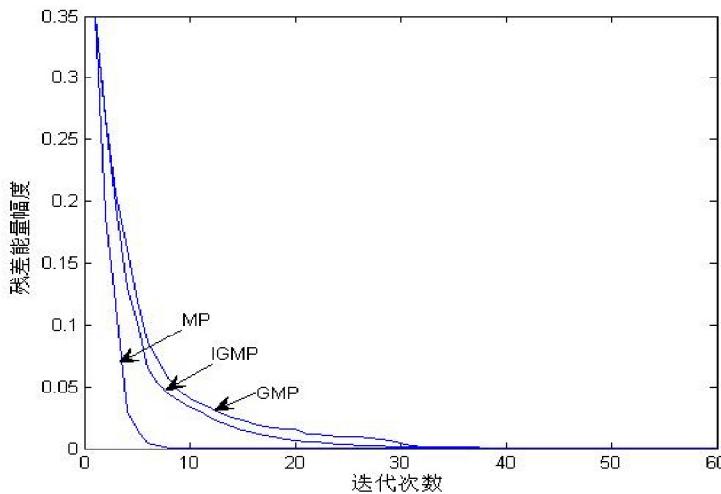


图3-2 人工合成信号的三种算法残差能量迭代过程

Fig.3-2 Three kinds algorithms of residual energy iteration process for synthetic signal

从图3-2可知MP的收敛性最好，GMP和IGMP比MP略差。当迭代次数为30时，可以近似认为三种算法皆已经提取出信号大部分能量，即改进的遗传匹配追踪算法收敛性仍在可接受范围内。结合图3-2和表3-2可知，MP算法下降速率最快，收敛效果最好，所需迭代次数不到10次，但所需时间最长，而GMP收敛效果最差，但迭代时间较MP大大缩短，而改进的遗传匹配追踪算法收敛效果比MP差但比GMP略好，所需时间却最少，IGMP收敛效果不如MP是必然的，因为IGMP无论怎么优化都是对MP的一种逼近，是在牺牲原子匹配性基础上降低时间，所以收敛效果只会低于MP，IGMP的目的就是在收敛效果和迭代时间之间达到平衡，最终降低搜索时间，虽然人工合成信号不能说明问题，但具有指导意义。

为证明改进算法的可信度和适应性，对女声发英语‘a’语音信号选取400个点进行分解，设定阈值为0.001，图3-3是女声发英语‘a’信号的原信号。

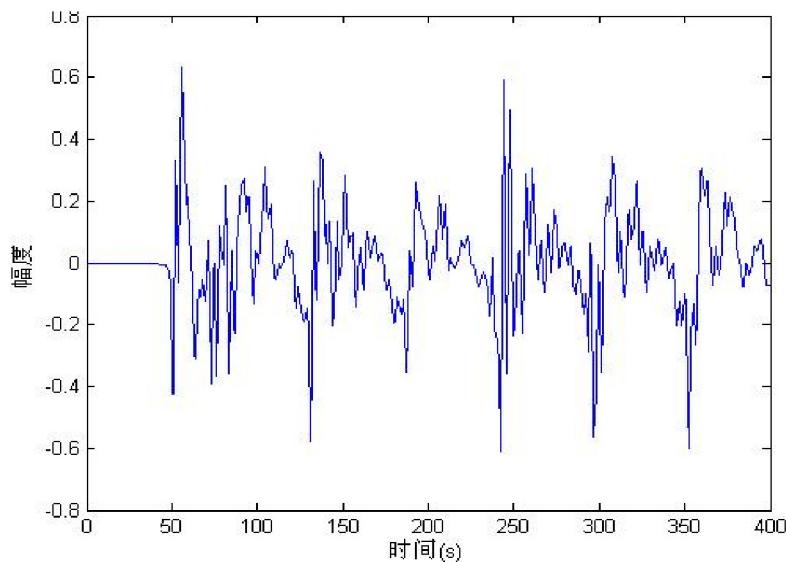


图3-3女声发英语‘a’信号
Fig.3-3 Signal of female voice 'a' in English

如图所示语音信号是一种非平稳信号，信号结构很复杂，很难用单一或者固定的基函数逼近，而匹配追踪则显示了其优越性。图3-4是用三种算法迭代后的残差能量图。

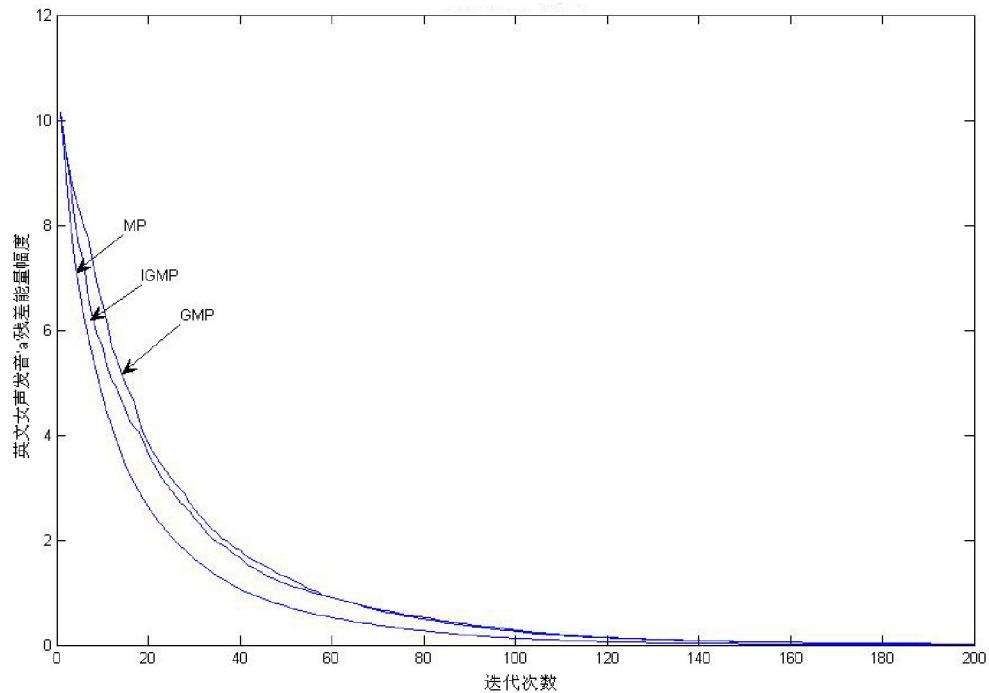


图3-4 女声发英语‘a’信号的三种算法残差能量迭代过程

Fig.3-4 Three kinds algorithms of residual energy iteration process for female voice ‘a’ signal

如图3-4可知，三种算法分解下的女音信号'a'的残差收敛过程与合成信号的结果类似，MP算法的迭代效果依然是最佳，收敛速度较快，而GMP和IGMP的迭代效果相近，表3-3是不同算法之间运行时间的比较。

表3-3 不同算法的女声发英语‘a’信号运行时间比较
 Tab.3-3 The comparison of runtime between algorithms for female voice ‘a’ signal

算法	迭代次数	平均运行时间(s)
MP	247	8.8152e3
GMP	387	182.2031
IGMP	300	143.7031

结合图3-4和表3-3可知，MP虽然收敛性好但收敛时间成指数增长，而在迭代60次之前，GMP略比IGMP速度快，而搜索时间上GMP却比IGMP长。由于合成信号、英语同汉语的信号结构有差别，所以本文选取信号女声发汉语‘白’并截取400个点，设定阈值为0.001，并用三种算法MP、GMP和IGMP分别对信号进行分解。图3-5是女声发汉语‘白’的原信号。

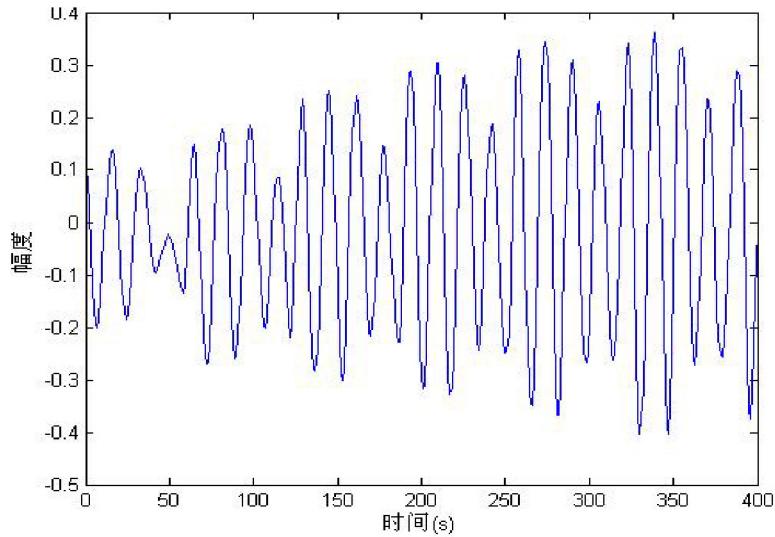


图3-5 女声发汉语‘白’

Fig.3-5 Chinese female speech signal ‘bai’

图3-6是三种算法分别分解女声发汉语‘白’后的残差能量迭代过程。

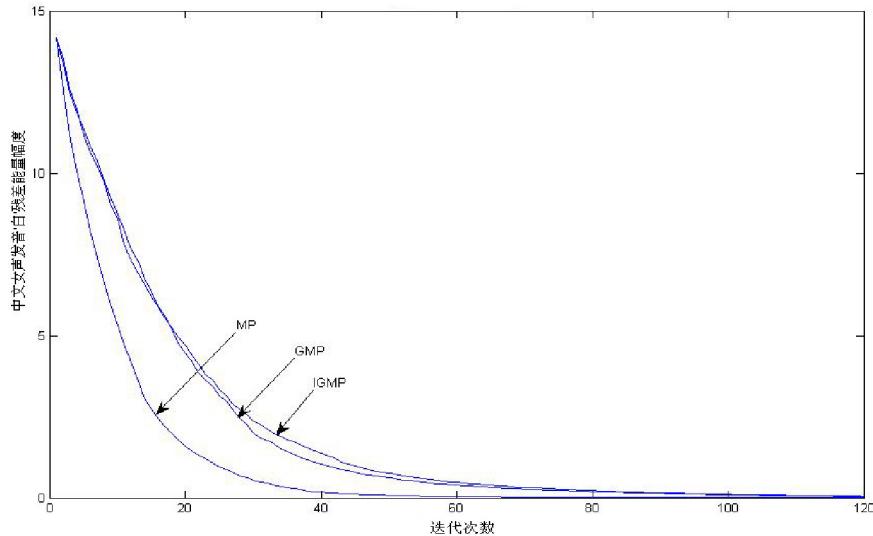


图3-6 女声发汉语‘白’信号三种算法残差能量迭代过程

Fig.3-6 Three kinds algorithms of residual energy iteration process for female voice ‘bai’

从图3-6中可看出，MP的残差能量迭代下降速度依然最快，当迭代40次时，残差能量几乎收敛，GMP和IGMP的收敛性类似。表3-4是不同算法运行时间和迭代次数的比较。

表3-4 不同算法的女声发汉语‘白’信号运行时间比较
Tab.3-4 The comparison of runtime between algorithms for female voice ‘bai’ signal

算法	迭代次数	平均运行时间(s)
MP	152	5.4539e+003
GMP	354	181.7500
IGMP	264	124.9844

由图3-6和表3.4可知，对于女声发汉语‘白’信号的分解，MP虽然收敛快但所需时间成指数增加，而GMP则所花时间远低于MP所需的时间，IGMP则在GMP的基础上进一步改进，所需的迭代次数和时间都有所减少，而同时残差能量收敛效果和GMP近似，在接近迭代60次两者收敛。

结合以上三种不同的信号实验结果分析，改进的遗传匹配追踪算法的效果是有效的，尤其是对英文信号的分解，而对中文信号的分解虽然不及英文信号，但仍取得了缩短迭代次数的效果，运行时间也大大的缩短了，结合图3-2、图3-4和图3-6可看出，人工合成信号只需原子30个，而两个语音信号所需的原子个数都超过100，所以改进的算法离实际运用还有一段距离，时间还应进一步缩短。

3.4 本章小结

确定遗传参数和匹配追踪参数，将比例选择、最优保存策略、排序选择相结合，首先用匹配追踪算法和各种遗传匹配算法分解人工合成信号，可看出本文改进的算法所用时间最短且迭代次数相比 GMP 减少，然后各算法分解实际语音信号如女声发英语‘a’和女声发汉语‘白’，在缩短时间和迭代次数仍然是有效的。

第四章 基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪算法

为了解决一方面交叉算子产生尽可能多的新个体，另一方面又要防止过多的产生新个体而破坏优良个体降低收敛速度，从而影响寻找最佳原子的速度的问题，本章采用将拉普拉斯交叉算子(LC: Laplace Crossover)引入 GMP，通过父代群体控制子代群体自适应控制交叉运算，用各种信号的分解实验对算法进行验证。

4.1 拉普拉斯交叉算子描述

拉普拉斯交叉算子根据父代群体的拉普拉斯分布得到概率密度函数，将密度函数的两个系数带入到算术交叉系数中，实现对子代群体的控制，拉普拉斯概率密度函数为：

$$f(x|a,b) = \frac{1}{2b} \exp\left(-\frac{|x-a|}{b}\right) \quad (4.1)$$

算术交叉(AC: Algorithm Crossover)算子是指由两个个体的线性组合而产生出两个新的个体，为了能够进行线性组合运算，算术交叉的操作对象一般是由浮点数编码所表示的个体。假设在第 t 代的2个个体 X_A^t 和 X_B^t ， $t+1$ 代的2个新个体为 X_A^{t+1} 和 X_B^{t+1} 。算法交叉如式(4.3)和(4.4)所示：

$$X_A^{t+1} = X_A^t + \beta |X_A^t - X_B^t| \quad (4.2)$$

$$X_B^{t+1} = X_B^t + \beta |X_A^t - X_B^t| \quad (4.3)$$

其中算法交叉稀疏 β 为^[43]：

$$\beta = \begin{cases} a - b \log_e(u), & u \leq \frac{1}{2} \\ a + b \log_e(u), & u > \frac{1}{2} \end{cases} \quad (4.4)$$

式(4.5)中 a 、 b 为拉普拉斯概率密度参数， $a \in R$ 是定位参数， $b > 0$ 是尺度参数， a 、 b 由已知父代群体概率密度函数反推得到， a 用来调节与父代个体之间的距离， b 用来调节子代个体的尺度。 $u \in [0,1]$ 是一均匀分布的随机数。 a 、 b 共同作用下，子代是对父代成比例的延伸，通过父代拉普拉斯概率密度函数的两个系数实现父代控制子代降低子代破坏优良个体的目的。

4.2 基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪算法

基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪 (GMPLC: Genetic Matching Pursuits based on Laplace Crossover) 算法，首先对匹配追踪算法中的四个参数进行初始化，种群规模 $Size=30$ 、代数规模 $G=100$ 、MP 的残差阈值为 0.0001、最优个体 $BsJ=0$ 等，根据参数的上下限初始化种群；然而计算初始种群中每个个体的目标函数为原子和残差或信号之间的内积，由于目标函数和适应度函数都是求最大值，则适应度函数直接等于目标函数；再计算个体被选择复制的概率，由适应度函数得到概率表的初始值计算公式如下：

$$p^0(i) = \frac{a(i)}{\sum_i a(i)} \quad (4.5)$$

$a(i)$ 为各个体的适应值。每个个体被复制的个数 $Ni = [Size * p(i)]$, [] 表示取整。

对选择后的下一代群体首先进行交叉运算, 本文采用 LC, 随机选择两个父代个体 X_A^t 和 X_B^t , 以 p_c 的概率执行交叉运算, 产生两个子代个体 X_A^{t+1} 和 X_B^{t+1} 。

然后进行变异运算: 本文采用算术变异, 以 p_m 概率执行 $X^{t+1} = X^t + \alpha(rand - 0.5)$, α 为参数上下限之差。

再次判断种群代数是否迭代结束, 否则继续遗传操作, 如果是则返还到 MP 中, 得出最优个体 (即每次 MP 迭代的最优原子的参数), 由参数计算出最优原子 $g_\gamma(t)$, 再将原子和残差或信号作内积得到原子的系数, 判断 MP 的迭代是否结束, 否则将残差等参数返还到遗传算法中寻找和残差最匹配的原子, 条件成立则程序结束。

4.3 仿真实验与结果分析

首先确定遗传参数, 如表4-1:

表4-1 遗传参数的控制表
Tab.4-1 Genetic parameters table

编码方式	浮点数编码	选择算子	比例
交叉类型	LC	种群代数	200
交叉概率	0.8	种群规模	100
变异概率	0.1	精度	1e-4

然后形成参数空间 $s = a^j$, $u = pa^j \Delta u$, $\omega = ka^{-j} \Delta \omega$, $\varphi = i \Delta \varphi$, 其中 $a = 2$, $\Delta u = 1/2$, $\Delta \omega = \pi$, $\Delta \varphi = \pi/6$, $0 < j \leq \lg_2 N$, $0 \leq p \leq N 2^{-j+1}$, $0 \leq k < 2^{j+1}$, $0 \leq i \leq 12$ 。由于参数 s 、 u 、 ω 、 φ 的上下限比较复杂, 不适合初始种群, 转而用内参数 j , p , k , i 初始化种群, 当得到一组最优参数时, 将这组参数回带到 s 、 u 、 ω 、 φ 中。选择长度为400的蝙蝠信号为待分解信号, 设定阈值为0.0001, 并用三种算法进行分解, 蝙蝠信号如图4-1所示:

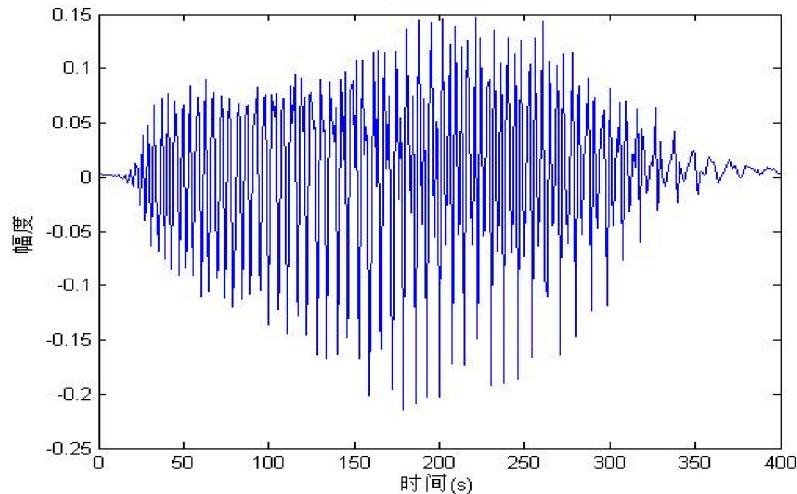


图4-1 蝙蝠信号
Fig.4-1 the signal of bat

图4-2是MP算法、GMP算法和GMPLC算法对蝙蝠叫声信号的分解后的残差能量迭代过程。

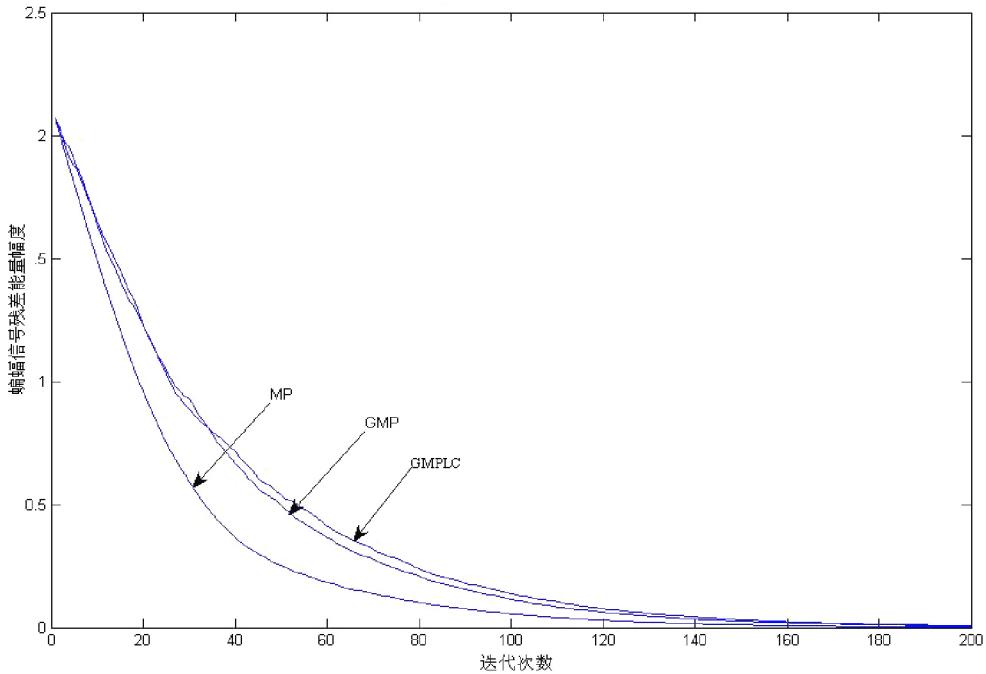


图4-2 蝙蝠信号的三种算法残差能量迭代过程

Fig.4-2 Three kinds algorithms of residual energy iteration process for bat signal

如图4-2所示MP算法的收敛效果最佳，收敛的下降速度很快，GMP收敛曲线比较平滑，说明它的下降速度最慢，而GMPLC则几乎在两者之间，兼顾了搜索时间和原子的匹配性。表4-2是不同算法之间运行时间和迭代次数的比较。

表4-2 不同算法的蝙蝠信号运行时间比较
Tab.4-2 The comparison of runtime between algorithms for bat signal

算法	迭代次数	平均运行时间(s)
MP	218	7.9225e+003
GMP	368	186.9375
GMPLC	277	130.4219

可看出 MP 算法是以牺牲搜索时间来减少迭代次数，GMPLC 所需的时间相对于 GMP 有所减少，结合图 4-2 和表 4-2 可以证明引入拉普拉斯交叉算子是有效的，改进的算法相对于 GMP 算法，提高了收敛速度从而提高了寻找最优原子的速度，是在 GMP 和 MP 两者之间的平衡。

实验二选择的待分解信号是男声发英语 ‘b’ 信号，选取信号长度为 400，用三种算法分别对信号进行分解，如图 4-3 所示是男声发英语 ‘b’ 的原信号。

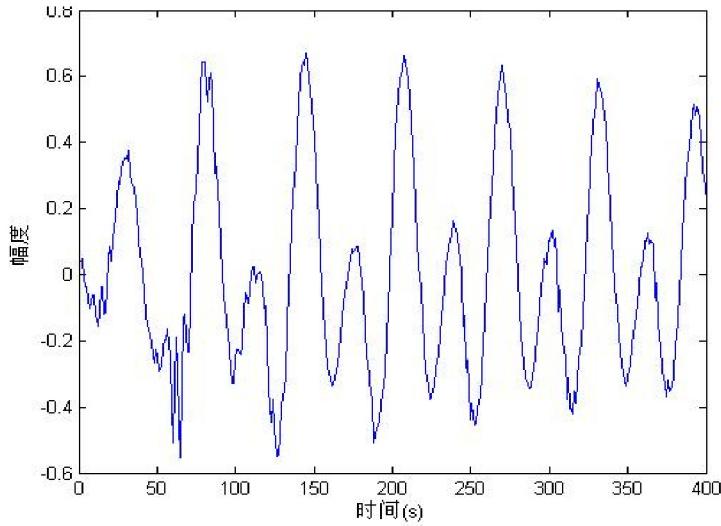


图 4-3 男声发英语 ‘b’ 信号

Fig.4-3 male speech signal ‘b’ in English

如图 4-4 所示是英文男声发音 ‘b’ 信号的残差迭代过程图。

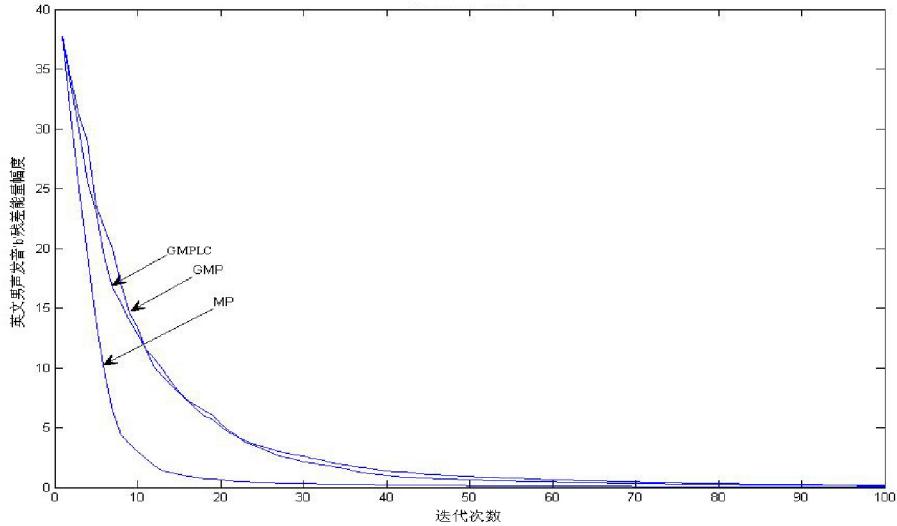


图4-4 男声发英语'b'信号的三种算法残差能量迭代过程

Fig.4-4 Three kinds algorithms of residual energy iteration process for male English voice 'b'

从图 4-4 可看出三种方法的分解效果中，MP 算法的分解效果依然是最佳，收敛速度最快，GMP 和 GMPLC 相近，在迭代第 40 次时可近似认为三种算法都已收敛。

表 4-3 是不同算法之间运行时间和迭代次数的比较，结合图 4-4 和表 4-3 分析可知，MP 算法的迭代时间最长，而两种遗传匹配追踪算法的时间相比之下较短，在不失残差能量迭代性能的前提下，改进的遗传匹配追踪算法在时间和迭代次数有所缩短。

表4-3 不同算法的男声发英语'b'信号运行时间比较

Tab.4-3 The comparison of runtime between algorithms for male voice ‘b’ signal

算法	迭代次数	平均运行时间(s)
MP	152	5.4539e+003
GMP	354	181.7500
GMPLC	264	124.9844

如表 4-3 所示，GMPLC 所用的运行时间最短，所需迭代次数居中，结合图 4-4 可

知，GMPLC 对迭代时间和迭代次数缩减的改进是有效的。

4.4 本章小结

本文采用拉普拉斯交叉算子改进算法，通过父代群体的拉普拉斯密度函数参数间接控制子代对父代成比例的延伸，进而减少了对优良个体的破坏。通过对蝙蝠信号等仿真实验结果表明，这种改进的遗传匹配算法，从残差能量迭代过程和搜索时间两方面的改进是有效的。

第五章 基于多样性变异算子的遗传匹配追踪算法

为解决变异算子既提高群体的多样性又降低破坏性的问题。本章提出一种基于群体多样性的变异算子(DM: Diversity Mutation)，将群体多样性作为控制变异概率自适应改变的参数，使算法自适应分解原子达到缩短时间的目的，并通过实验对算法进行验证。

5.1 多样性变异算子描述

首先计算出当代群体的多样性值，变异概率与多样性成反比，群体多样性较高时，降低变异概率可减少对优良个体的破坏，群体多样性较小时，则提高变异概率可拓展新的搜索空间增强局部搜索能力。DM通过群体多样性控制变异概率的产生进行自适应地变异运算，有效地抑制变异算子的破坏性，并且适当地产生新个体提高群体多样性。本文将基于DM的GMP算法命名为多样性变异遗传匹配追踪算法(DMGMP: Diversity Mutation Genetic Matching Pursuits)。

由于本文编码方式为实数编码，所以使用文献12中二进制编码方式的群体多样性公式则达不到预期的效果。可以使用期望和标准差来考察群体的多样性，期望的物理意义是一组数据的平均值，而这组数据围绕此平均值上下波动。标准差是衡量这组数据的波动大小，波动越大则说明群体的多样性越高，波动越小说明群体的多样性越低，由此可得到多样性的公式：

$$m(A) = \frac{mpc_mean}{mpc_std} \quad (5.1)$$

A 是每代群体， mpc_mean 是群体矩阵每一列的期望值， mpc_std 是群体矩阵每一列的标准差值。由于MP有四个参数，参数之间的多样性不具有可比性，应分别计算每个参数的多样性的值，所以每个参数有一个变异概率。变异概率和多样性成反比并且 $m(A)$ 的值在0到1之间，可设定变异概率公式：

$$p_m = sm * (1 - m(A)) \quad (5.2)$$

由公式(5.2)可看出变异概率反比于多样性，其中 $sm=0.23$ ，该系数的值没有标准值，只能通过多次试验得到，不同问题 sm 的值应该不同。

$p_m \in (0.01, 0.1)$ ，变异概率低于0.01则起不到变异作用，高于0.1则使算法不稳定从而导致算法不能收敛。所以当 p_m 大于0.1时， p_m 设定为0.1，当 p_m 小于0.01时， p_m 设定为0.01。

假设在第 m 代的个体 X^m ，则变异操作后所产生的个体为：

$$X^m(i, j) = Mean(j) + Dif(j) \times (rand - 0.5) \quad (5.3)$$

其中 $Mean(j)$ 是每组参数上下限的平均值， $Dif(j)$ 是每组参数上下限的差值， $rand$ 是一服从0-1分布的随机数。

5.2 多样性变异算子的遗传匹配追踪算法

首先介绍本算法的流程图，如图 5-1 所示：

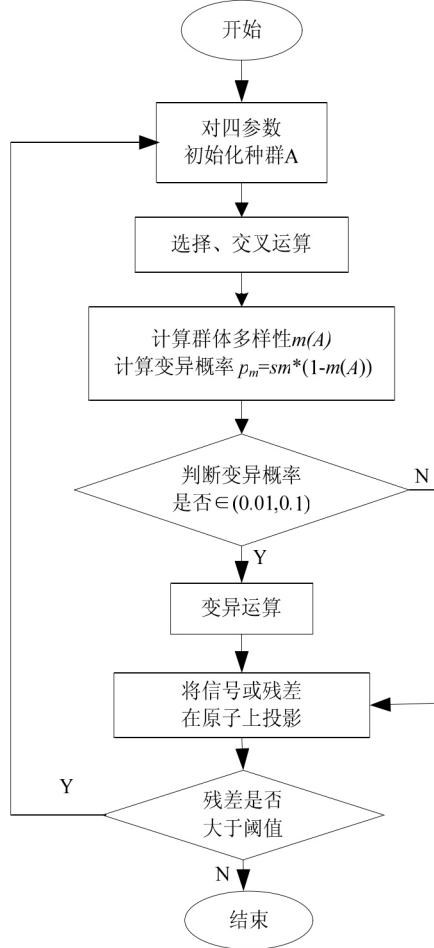


图 5-1 多样性变异算子遗传匹配追踪算法流程图

Fig.5-1 Flowchart of diversity mutation genetic matching pursuits

其中选择运算是比例选择算子，即计算个体被选择复制的概率，交叉运算：本文采用拉普拉斯交叉算子，多样性变异运算首先计算群体多样性，然后根据公式(5.2)得到变异概率，再随机生成一个 0 到 1 的服从均匀分布的随机数，将随机数与变异概率比较，若变异概率大于随机数，则执行公式(5.3)的变异运算，若变异概率小于随机数则结束遗传操作，并判断遗传迭代是否结束，若结束则将所得最优个体的参数返回到匹配追踪中，并得到残差信号，判断残差能量是否小于 0.001，是则结束程序，否则将残差等参数返还到遗传操作中继续寻找和残差最匹配的原子直到条件满足。

5.3 仿真实验与结果分析

首先确定遗传参数，编码方式为实数编码，交叉类型为拉普拉斯交叉，交叉概率0.8，变异类型为多样性变异运算，变异概率随群体多样性自适应变化，种群规模100，种群代数规模200。然后通过以下公式离散化四个参数形成参数空间：

$$s = a^j, u = pa^j \Delta u, \omega = ka^{-j} \Delta \omega, \varphi = i \Delta \varphi \quad (5.4)$$

其中 $a = 2$ 是伸缩因子, $\Delta u = 1/2$ 是平移最小间隔, $\Delta\omega = \pi$ 是频率最小间隔, $\Delta\varphi = \pi/6$ 相位最小间隔, $0 < j \leq \lg_2 N, 0 \leq p \leq N2^{-j+1}, 0 \leq k < 2^{j+1}, 0 \leq i \leq 12$ 。 j, p, k, i 是四个参数的内参数。由于参数 s, u, ω, φ 的上下限比较复杂, 不适合初始种群, 转而用内参数 j, p, k, i 初始化种群, 当得到一组最优参数时, 将这组参数回带到 s, u, ω, φ 中。

本文使用图3-1的人工合成信号、图3-3的语音信号女声发英语‘a’信号和图4-3的语音信号男声发英语‘b’信号分别进行测试。为了跟踪合成信号分解后原子的进化过程, 表5-1是合成信号最优原子的四个最优参数:

表5-1 每代群体最优一组参数

Tab.5-1 Optimal parameters in each generation group

	$m=1$	$m=2$	$m=3$	$m=4$	$m=5$	$m=6$	$m=7$	$m=8$	$m=9$	$m=10$
s	16.146	11.922	6.9673	5.3001	4.7066	2.3399	4.9324	24.233	1.6744	7.7788
u	305.08	362.67	11.528	376.22	317.77	198.48	88.321	19.894	254.44	141.12
ω	0.3777	0.4323	0.8276	0.6791	0.0508	1.3284	1.1561	0.2031	2.2296	0.0876
φ	2.1085	1.9003	1.7754	0.9489	4.9955	3.144	1.0896	4.8359	3.2169	3.7534

如表5-1所示, s, u, ω, φ 是原子的四个参数, m 代表第 m 组最优参数。由于篇幅原因, 本文只给出部分原子的最优参数, 每组最优参数都是群体经过一百次遗传迭代得到的, 每迭代一次需30个原子做内积运算, 那么每组最优参数则需要3000个原子, 而不需要585676个原子的过冗余原子库。3000个原子就是每组最优参数寻优空间, 遗传匹配追踪算法通过遗传迭代过程大大缩减了原子库空间, 从而降低了计算量, 虽然缩减原子库导致算法易陷入局部收敛即降低原子的匹配性, 但可通过平衡残差能量和迭代次数之间的矛盾, 使算法的寻优时间降低至最短。图5-2所示的是人工合成信号经过三种算法迭代后的残差能量迭代图。

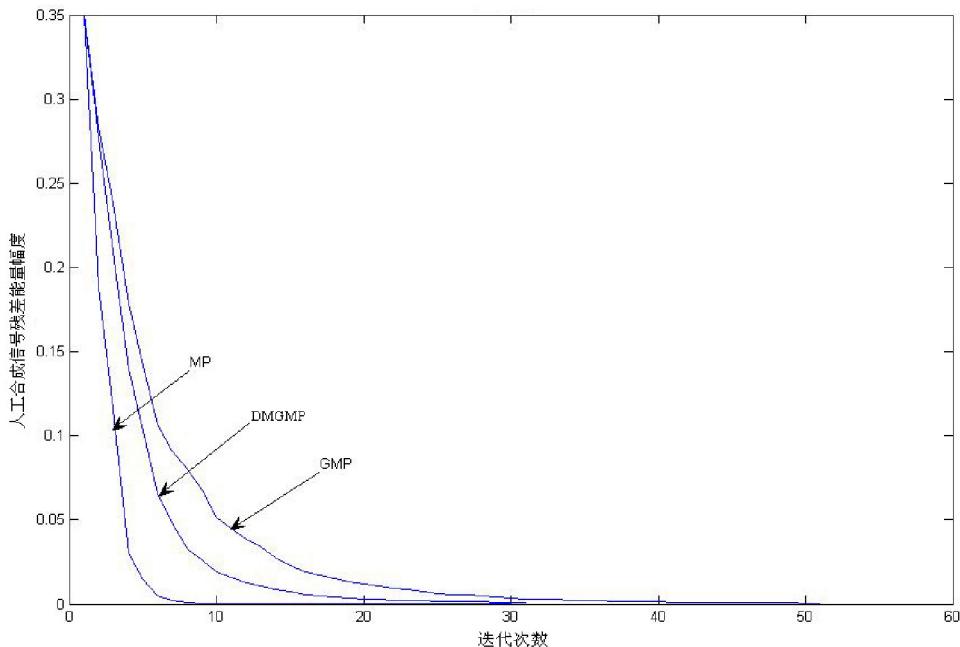


图5-2 人工合成信号的残差能量迭代过程

Fig.5-2 Synthetic signal of residual energy iteration process

如图5-2所示，不同算法对人工合成信号分解后的残差能量迭代过程，其中MP的收敛下降速度最快，当迭代到第10次时，残差已收敛，而GMP和DMGMP分别在第30次和第20次残差才收敛。可以看出改进的效果很明显，DMGMP效果处于MP和GMP之间。

为了验证算法的有效性，分别选取长度为400的女声发英语‘a’和男声发英语‘b’信号用DMGMP算法进行仿真，设定阈值为0.01，仿真结果如图5-3和图5-4所示：

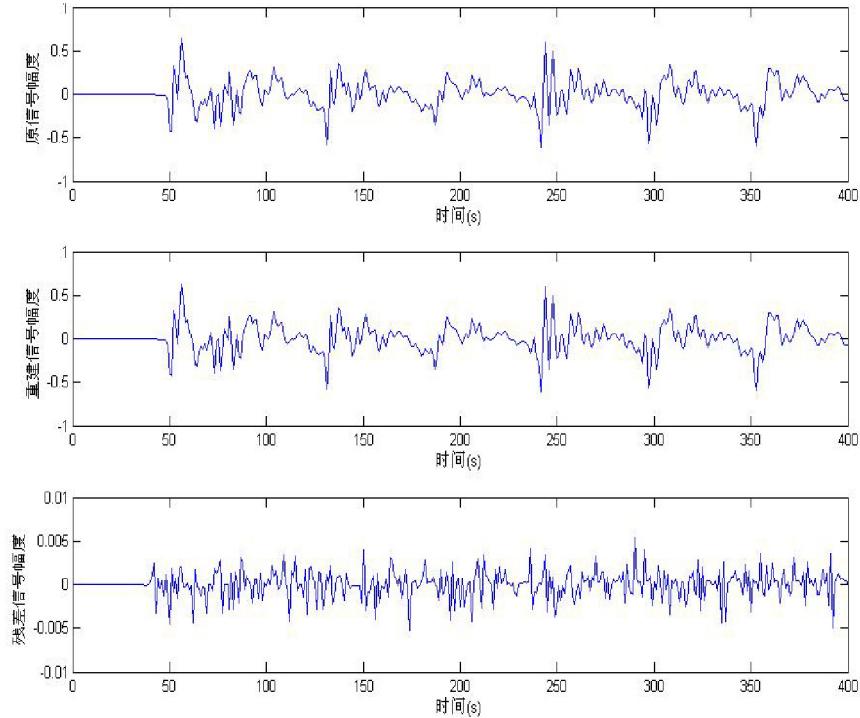


图5-3 女声发英语‘a’的原信号、重建信号和残差信号
Fig.5-3 Original 、reconstructing and residual signal of speech signal 'a'

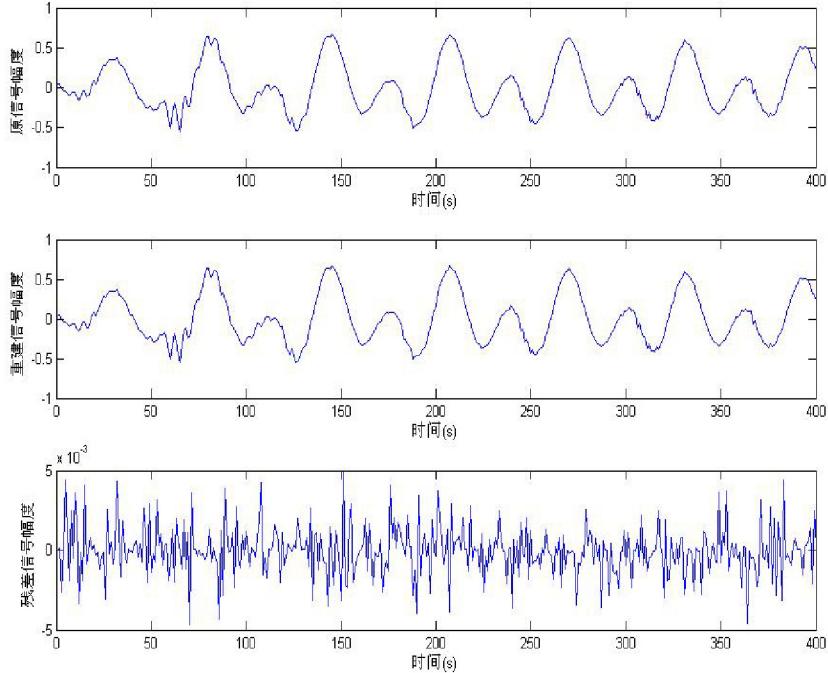


图5-4 男声发英语‘b’的原信号、重建信号和残差信号
Fig.5-4 Original 、reconstructing and residual signal of speech signal 'b'

图5-3的第一个图是女声发英语‘a’的原始信号，第二幅图是它的重建信号，第三幅图是残差信号，同理可见图5-4。从图5-3和图5-4的第二幅图的重建信号可看出DMGMP分别将两组信号大部分能量都提取出来，亦可从残差信号可看出残余能量都很小，达到了提取信号能量、分解信号的目的。表5-2是原始匹配追踪算法、遗传匹配算法和本文改进的遗传匹配追踪算法之间运行时间和迭代次数的比较：

表5-2 不同算法的三个信号运行时间比较

Tab.3-2 The comparison of runtime between algorithms for three signals

算法	残差能量			原子个数			运行时间		
	MP	GMP	DMGMP	MP	GMP	DMGMP	MP	GMP	DMGMP
<i>f</i>	0.0000	0.0002	0.0001	100	75	69	3.7378e+003	56.7344	40.0227
女音a	0.0000	9.435e-004	9.8511e-004	350	356	347	7.5619e+003	178.9560	169.8750
男音b	0.0000	9.6543e-004	9.9766e-004	340	321	316	7.1237e+003	164.2354	160.4844

从表5-3可看出，从人工合成信号可证明引入多样性变异算子是有效的，改进的算法通过控制变异运算避免破坏最优原子从而减少了迭代次数，间接降低了总的寻优所需时间。对于语音信号的应用改进的效果还是很明显的，所用时间缩短了5.54%，所用原子个数有所减少，并且运行时间也缩短了。当然离实际运用还有一段距离，时间还应进一步缩短。

本文所选的变异概率参数 sm 为0.23，下面通过表5-3展示最佳参数 sm 的选取过程。

表5-3 不同 sm 值的参数比较

Tab.5-3 Comparison of parameters in different values sm

sm		$c=1$	$c=2$	$c=3$	$c=4$	$c=5$	$c=6$	$c=7$	$c=8$	$mean$	std
0.21	<i>time</i>	43.64	37.31	48.35	43.57	60.3	59.5	35.5	42.14	46.2	8.07
	<i>num_g</i>	74	64	85	74	104	102	60	72	79	14.0
0.23	<i>time</i>	40.04	42.64	42.96	45.23	39.7	41.4	38.2	48.31	40.0	5.22
	<i>num_g</i>	70	71	75	80	67	72	66	83	69	9.28
0.233	<i>time</i>	35.50	44.68	38.15	36.35	51.5	40.2	32.2	40.54	41.7	6.57
	<i>num_g</i>	59	77	64	62	89	69	55	69	71	11.7

由于篇幅原因表5-2只选取部分 sm 值的参数比较。 c 表示测试的次数，*time*表示算法运算时间，*num_g*表示MP所需原子个数，*mean*表示期望，*std*表示标准差。根据稀疏分解理论可知算法运算时间越短越好、MP所需原子越少越好。时间期望值和原子个数期望值反映的是平均结果，标准差反映的是参数 sm 稳定性和波动性，在运行时间和原子个数平均值比较小的情况下， sm 的波动性越小越好。通过表5.2可以看出 $sm=0.23$ 时算法运算时间最短、所需原子个数最少且上下波动幅度小。

5.4 本章小结

本章提出通过群体多样性控制群体的变异概率来改进算法，避免变异运算破坏优良个体，从而降低算法的寻优时间。用人工合成信号和语音实际信号仿真实验结果表明，这种改进的遗传匹配算法，从残差能量和搜索时间两方面的改进是有效的。与交叉运算

相比，变异运算是辅助运算，若变异算子起主导作用，则算法变成毫无规则的随机运算。

第六章 总结与展望

6.1 论文的工作总结

对匹配追踪算法的改进目前有基于遗传算法的匹配追踪算法、基于人工鱼群算法的匹配追踪算法、基于划分原子库的匹配追踪算法和基于FFT的匹配追踪算法等，本文主要工作是在遗传算匹配追踪算法的基础上，改进了遗传算法的三大算子：选择算子、交叉算子和变异算子，来改善信号MP稀疏分解，使信号MP稀疏分解的搜索时间降低，具体工作如下：

第一，为了解决选择算子既要提高群体的收敛性又要防止降低群体的多样性问题，本文提出将比例选择、最优保存策略、排序选择相结合的选择算子改进方法。首先通过最优保存策略保护最优个体来抑制排序选择或比例选择的随机性，然后重新设计概率表，进化初期采用线性概率以提高群体多样性；进化后期采用比例选择的概率来加快收敛速度，在每代群体中选出适应度最高的个体不参加其他遗传操作直接复制到下一代并将适应度最低个体的值替换为适应度最高的值，其他个体被选择复制到下一代的个数为分配的概率乘上种群规模。当种群代数小于60，概率为线性等差分布的概率与适应度没有直接联系，线性概率提高适应度低的个体被选择的概率增加复制到下一代个体的个数以增加群体基因的丰富性；当种群代数大于60，概率为比例选择的概率以加快算法的收敛，本文算法分解人工合成信号和语音实际信号的时间相对于文献11的GMP所用时间分别缩短了39.67%和7.36%、7.58%。

第二，为了解决一方面交叉算子产生新个体加快算法的收敛速度，另一方面又要防止过多的产生新个体而破坏优良个体降低收敛速度从而影响寻找最佳原子的速度的问题，本文采用将LC引入GMP抑制交叉算子的破坏性，使搜索最优时间降低。首先根据父代群体拉普拉斯分布得到LD的密度函数并将其两个系数带入算术交叉中实现父代控制子代降低子代破坏优良个体的概率，并通过AC中的随机数拓展空间，仿真实验结果表明，这种改进的遗传匹配算法，从残差能量和搜索时间两方面的改进是有效的。

第三，由于变异算子具有提高群体的多样性和破坏优良个体的双重作用，提高多样性可保证遗传算子正常发挥进化和重组效应，而过多的产生新个体必然破坏现有的优良的个体，从而影响寻找最佳原子的速度。为了解决既提高群体的多样性又降低变异运算的破坏性问题，本文提出一种基于群体多样性的变异算子，将群体多样性作为控制变异概率自适应改变的参数。首先计算出当代群体的多样性的值，变异概率与多样性成反比，群体多样性较高时，降低变异概率可减少对优良个体的破坏，群体多样性较小时，则提高变异概率可拓展新的搜索空间增强局部搜索能力。基于DM的GMP算法通过群体多样性控制变异概率的产生方式对变异算子进行了改进。该变异概率是自适应的，用人工合成信号和语音信号仿真实验结果表明，这种改进的遗传匹配算法减少了迭代次数和搜索原子时间。

6.2 下一步工作展望

本文只对搜索过程进行了优化，即寻找最优原子，在保持精度不变的情况下提高了寻找原子的速度，但是本文对原子库和原子这两方面，由于时间关系没有进行过多的涉及，所以下一步的工作展望如下：

一、对原子库的设计进行深入的研究，将原子库按原子尺度划分，先使用大尺度原子逼近信号，再使用小尺度原子进行细化，减少不必要的搜索运算。

二、重新设计或者采用更有针对性的原子，以达到更好的逼近信号的效果，如针对语音信号中，浊音和辅音的区分。

致 谢

在论文完成之际，衷心感谢对我的课题及论文进行指导和帮助的所有老师和同学！

首先，我要深深感谢我的导师于凤芹教授！在近两年来的研究生学习和生活中，于老师给予了我悉心教导和热心帮助，于老师严谨的治学态度深深地影响着我，为我树立良好的人生观指明了方向。在论文的撰写过程中，正是于老师给我提出了很多宝贵的意见，才使得论文能够顺利完成。在此向于老师说声：您辛苦了！

其次，感谢师兄田源、孔磊、师姐宋倩倩，学友宋蓝天、孙艳、赵静、金银燕，师弟杨松、屠彬彬、韩德亮，师妹王玉静、何艳、高文曦，非常感谢他们在这三年来的研究生学习期间对我的无私的帮助，同时他们认真负责的工作态度给我也留下了深刻的印象。我将永远怀念实验室轻松愉快的学习气氛和互相帮助的精神，和他们一起的研究生生活是我人生的一段美妙的时光，值得永久回味。

本文所引用的全部参考文献，都是我学习和研究得以提升的重要源泉。他们的理论、思想与方法为我的学位论文提供了有益的思路和启迪。

特别的，向百忙之中审阅论文的各位专家、教授致以崇高的敬意和深深的感谢！

最后，谨以此文献给我的父母。

参考文献

1. Akçakaya M, Tarokh V. Performance of sparse representation algorithms using randomly generated frames [J]. IEEE Transactions on Signal Processing Letters,2007,14(11):777-780
2. Mallat S,Zhang Z. Matching pursuit with time-frequency dictionaries[J].IEEE Transaction on Signal Processing,1993,41(12):3397-3415
3. Guang D, David B.H. A signal denoising algorithm based on overcomplete wavelet representations and Gaussian models[J].Signal Processing,2007,87:866-876
4. Alireza S, Shahram S. Progressive coding of a gaussian source using matching pursuit [J]. IEEE Transaction on Signal Processing,2008,56(2):636-649
5. Aapo H, Mika I. Estimating overcomplete independent component bases for image windows [J]. Mathematical Imaging and Vision,2002,17:139-152
6. 邵君. 基于 MP 的信号稀疏分解算法研究[D]:[硕士学位论文].成都:西南交通大学,2006
7. 舒维杰,袁志刚. 利用人工鱼群算法实现基于 MP 的信号稀疏分解[J].计算机应用研究,2009,1:66-67
8. 王春光,刘金江.基于粒子群优化的稀疏分解最优匹配原子搜索算法[J].国防科技大学学报,2008,2:83-87
9. Adelino R F. Atomic decomposition with evolutionary pursuit[J].Signal Processing, 2003, 13 :317-33
10. Felipe M,Thomas K. Approximating method of frames[J].Digital Signal Processing, 2003,13:519-529
11. Stefanou D, Florin I. A genetic matching pursuit algorithm [J].Signal Processing and Its Applications,2003,1:577-580
12. 周明, 孙树栋. 遗传算法及其应用[M].北京:国防工业出版社,1999
13. 高强.遗传算法降低匹配追踪算法计算量的研究[J].振动、测试与诊断,2003,23(3):165-167
14. 高飞,玉振明,解光. 匹配追踪分解算法的简化实现[J].广西大学梧州分校学报,2002,12(1):35-37
15. 高瑞. 基于 GA 和过完备原子库划分的 MP 信号稀疏分解算法[J].科学技术与工程,2008,8(4):914-918
16. 范虹,孟庆丰,张优云.用混合编码遗传算法实现匹配追踪算法[J].西安交通大学学

报,2005,39(3):295-299

17. 邵君,尹忠科,王建英.信号稀疏分解中过完备原子库的集合划分[J].铁道学报,2006,28(1):68-71
18. Ferrando S E, Doolittle E J, Bernal A J, Bernal L J. Probabilistic matching pursuit with gabor dictionaries[J].Signal Processing,2000,80:2099-2120
19. Vera C P, Ruiz R N, López F F. Bark scale-based perceptual matching pursuit for improving sinusoidal audio modeling[J].Digital Signal Processing,2009,19:229-240
20. Mark R. Matching pursuits with a wave-based dictionary[J]. IEEE Transaction on Signal Processing,1997,45(12):2912-2927
21. 邓承志,汪胜前,曹汉强. 基于多原子快速匹配追踪的图像编码算法[J].电子与信息学报,2009,31(8):1807-1811
22. 陈林,宋海斌. 基于 Morlet 小波匹配追踪算法的地震时频属性提取[J].石油地球物理勘探,2008,43(6):673-679
23. Peng X, Yao D. Two dictionaries matching pursuit for sparse decomposition of signals [J].Signal Processing,2006,86:3472-3480
24. Miroslav A, Laura R. A swapping-based refinement of orthogonal matching pursuit strategies [J].Signal Processing,2006,86:480-495
25. 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):173-178
26. Phillips P J. Matching pursuit filters applied to face identification [J]. IEEE Transaction on Image Processing,1998,8(7):1150-1164
27. 李强,杨涛. 形心和匹配跟踪算法的改进[J].光电工程,2000,27(2):28-30
28. 高飞,玉振明,解光. 匹配追踪分解算法的简化实现[J].广西大学梧州分校学报,2002,12(1),35-37
29. 孙敬远,孟庆丰.非参数波形提取方法及应用[J].西安交通大学学报,2004,38(3): 266-269
30. 邵君,尹忠科,王建英. 基于 FFT 的 MP 信号稀疏分解算法的改进[J].西南交通大学学报,2006,41(4):466-470
31. 赵玉娟,水鹏朗,张凌霜. 基于子空间匹配追踪的信号稀疏逼近[J].信号处理, 2006, 22(4):501-505
32. 陈发宇,杨长春. 基于 MP 方法的地震信号快速分解算法[J].地球物理学进展,2007,22 (6):1692-1697
33. Matthieu K, Bruno T. Random models for sparse signals expansion on unions of bases

- with application to audio signals[J].IEEE Transaction on Signal Processing, 2008, 56(8): 3468-3481
34. 周忠根,水鹏朗.由时频分布引导的四参数子空间匹配追踪算法[J].信号处理, 2008, 24(1):147-151
35. 马建华,刘宏伟,保铮. 利用核匹配追踪算法进行雷达高分辨距离像识别[J].西安电子科技大学学报,2005,32(1):84-88
36. Liu Q S, Wu L N. Compete matching pursuit algorithm[J].Journal of Southeast University,2002,18(1):24-27
37. Ting K, Hwang S. A genetic algorithm with disruptive selection [J].IEEE Transactions on Systems,Man, and Cybernetics-part B:Cybernetic,1996,26(2):299-307
38. Liu Z M, Zhou J L. New adaptive genetic algorithm based on ranking[C].Proceedings of the Second International Conference on Machine Learning and Cybernetics,Xi'an,2003
39. Li N N,Gu J H. A new genetic Algorithm based on negative selection[C]. Proceedings of the Fifth International Conference on Machine Learning and Cybernetics,Dalian,2006
40. Li Y, Zhang S, Zeng X. Research of multi-population agent genetic algorithm for feature selection [J].Expert Systems with Applications,2009,36:11570–11581
41. Anca D D,Beat H. New selection operators based on genetic relatedness for evolutionary algorithms [J].Evolutionary Computation,2007,25:4610-4614
42. Ling S H, Leung F H F. Real-coded genetic algorithm with average-bound crossover and wavelet mutation for network parameters learning[C].Proceedings of International Joint Conference on Neural Networks, Montreal, Canada,2005
43. Deep K,Thakur M. A new crossover operator for real coded genetic algorithms[J]. Applied Mathematics and Computation,2007,188:895–911
44. Fan Q,Wang P. Study on mutation operator based on BP algorithm in genetic algorithm with floating coding[C]. Proceedings of the 6th World Congress on Intelligent Control and Automation,Dalian,2006
45. Li H, Wu Y G. Research on mutation operator of diploid genetic algorithm and its dynamic adaptation strategy[C].Proceedings of the Fifth International Conference on Machine Learning and Cybernetics,Dalian,2006
46. Anca D D,Beat H. A new mutation operator for real coded genetic algorithms[J].Applied Mathematics and Computation,2007,193:211–230
47. Renato T,Andre C A. Genetic algorithm with gene dependent mutation probability for non-stationary optimization problems[J].Evolutionary Computation,2004,2:1278–1285
48. Liu D. Research on reverse genetic algorithms based on adaptive tuning of mutation probability [J].Industrial Electronics and Applications,2006,1-3

49. Cohen L. Time-frequency distributions:a review[J].Proceedings of the IEEE,1989,77: 941–81
50. 张贤达. 非平稳信号分析与处理[M].北京:国防工业出版社,1998
51. Dmitri M,Michael Z. Signal reconstruction in sensor arrays using sparse representations [J].Signal Processing,2006,86:624–638
52. 刘丹华,石光明,周佳社. 一种冗余字典下的信号稀疏分解新方法[J].西安电子科技大学学报(自然科学版),2008,35(2):228-232
53. 张春梅,尹忠科.基于冗余字典的信号超完备表示与稀疏分解[J].科学通报, 2006,51 (6):628-633
54. 于凤芹.多分量 Chirp 信号的时频表示与参数估计的研究及其应用[D]:[博士学位论文].上海:上海大学,2005
55. 戴琼海,邹红星. FMmlet 变换的性质及收敛性分析[J].中国科学,2002,32(1):48-55
56. 屈念念,刘江平. Riker 子波匹配追踪算法及其改进 [J]. 工程地球物理学报,2009,10(10):740-745
57. 陈发宇,尚永生,杨长春. Matching Pursuits 方法综述 [J]. 地球物理学进展,2007,22(5):1466-1473
58. 李敏强. 遗传算法的基本理论与应用[M].北京:科学出版社,2002
59. 傅予力,谢胜利,何昭水. 稀疏信号的参数分析[J].武汉大学学报, 2006,39(6):101-104
60. 李亚文,于凤芹. 基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪算法[J].科学技术与工程,2010,10(10): 2490-2493
61. Mallat S. 信号处理的小波导引[M].北京:机械工业出版社,2002

附录 A:作者在攻读硕士期间发表的论文

1. 李亚文,于凤芹.一种改进选择算子的遗传匹配追踪算法[J].数据采集与处理,2011,26(2):177-180
2. 李亚文,于凤芹.基于拉普拉斯交叉算子的遗传匹配追踪[J].科学技术与工程,2010,10(10):2490-2493
3. Li Y W,Yu F Q. Genetic Matching Pursuits based on Diversity Mutation[C]. International Journal of Intelligent Systems,shanghai,已录用