

基于高阶残差量化的光谱二值编码新方法

康孝岩^{1,2}, 张爱武^{1,2*}

1. 首都师范大学三维信息获取与应用教育部重点实验室, 北京 100048
2. 首都师范大学空间信息技术教育部工程研究中心, 北京 100048

摘要 光谱二值和多值编码技术能够实现目标光谱的快速匹配、识别和分类等应用,但这类量化编码方法会损失大量的光谱细节信息,且不能解码出与原始光谱近似的重构光谱,应用有限。为了解决上述问题,提出一种高阶残差量化的光谱编码新方法 HOBC(high-order binary coding)。首先,对光谱向量进行去均值的规范化处理,得到值域为 $(-1, 1)$ 的光谱序列;然后,求解规范化光谱的 ± 1 编码、编码系数和残差(即一阶残差);基于一阶残差,逐阶解算 2 至 K 阶残差的 ± 1 编码及其系数;最后得到 K 个编码序列及其系数,即为 HOBC 的编码结果。选择典型波谱库数据集,对比光谱 0/1 二值编码 BC01(binary coding with 0 and 1)、光谱分析编码 SPAM(spectral analysis manager)、二值/四值混合编码 SDFC(spectral derivative feature coding)和 DNA 四值编码等 4 种方法,进行了光谱量化编码和解码重构实验,分别统计了光谱形状特征和斜率特征编码的信息熵和存储量、光谱形状特征编码与原始光谱之间的光谱矢量距离 SVD (spectral vector distance)、谱间 Pearson 相关系数 SCC (spectral correlation coefficient)和光谱角 SAM (spectral angle mapping)。结果表明,在编码存储量上,HOBC 的 1~4 阶编码分别与以上 4 种编码相等;在编码信息熵上,HOBC 的 1~2 阶编码分别与 BC01 和 SPAM 相等,而 HOBC 的 3~4 阶编码分别高于 SDFC 和 DNA 编码;在 SCC 上,HOBC 1 阶编码与 BC01 相等,而 2~4 阶编码均分别优于 SPAM, SDFC 和 DNA 编码;在 SAM 方面,HOBC 1~4 阶编码均分别明显优于 4 种对比方法;4 种对比方法不能明确解码重构,而 HOBC 可简便重构出与原始光谱近似的解码序列,且 SVD 逐阶递减。进一步,基于临泽草地试验站公开光谱数据集,进行了 10 类地物目标的光谱编码和监督分类实验,实验结果表明,在 Kappa 系数,总体分类精度和平均分类精度等 3 种性能评价指标上,HOBC 均明显优于 4 种对比方法,尤其是,HOBC 4 阶编码优于原始光谱的分类性能;对样本数量较少且类间相似性较高的难分类地物,HOBC 亦具有优于其他算法的鲁棒性。说明 HOBC 编码在大幅压缩数据量的同时,其编码序列能保留较高的信息量,且具有较高的光谱可分性,可用于光谱高精度快速识别和分类;其解码重构序列与原始光谱序列具有较高的相似性,理论上可适用于目标识别和分类等应用。

关键词 高阶残差量化;光谱编码;二值编码;四值编码;DNA 编码

中图分类号: O433 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3964/j.issn.1000-0593(2019)10-3013-08

引言

作为一种重要的识别信息,物质的光谱(spectrum,亦称波谱)特征主要表现为,当电磁波与物质表面发生相互作用时,物质在不同谱段上的反射、热红外辐射、微波辐射和散射特征等^[1]。光谱测量技术能够精细刻画物质的反射或发射

光谱信息,形成一条连续或若干条分段连续的曲线,即光谱曲线,被广泛用于物质检测、地物探测^[1]、环境监测和天体观测^[2]等领域中。典型物质波谱库的建设对测谱技术的应用具有重要作用,目前通用的波谱库有美国地质调查局波谱库、美国约翰霍普金斯大学波谱库等^[1]。在波谱库中,一种物质的光谱曲线被记录为一组浮点数组成的向量,辅助数据包括实物照片和谱段描述等元数据。

收稿日期: 2018-08-27, **修订日期:** 2019-02-10

基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFB0502500),国家自然科学基金项目(41571369),北京市自然科学基金项目(4162034),青海省科技计划项目(2016-NK-138),科技创新服务能力建设-基本科研业务费(科研类)(025185305000/143)资助

作者简介: 康孝岩,1989年生,首都师范大学资源环境与旅游学院博士研究生 e-mail: xy.kang@cnu.edu.cn

* 通讯联系人 e-mail: zhangaw98@163.com

随着国内外波谱库的建设和完善^[1],尤其是一些大型光谱观测实验数据的陆续发布,如中国天文光谱观测望远镜已发布 700 多万条天体光谱曲线^[2],光谱数据的量级将逐渐增加,以浮点型来存储、传输和处理光谱数据将会大大增加数据存储和传输的成本及降低处理效率,前人学者逐渐开发出一些光谱量化编码方法^[3-6]来应对这些问题。1988 年, Mazer 等在 0~1 二值光谱形状(shape)编码 BC01 (binary coding with 0 and 1)的基础上,提出了 SPAM (spectral analysis manager)编码方法,增加了光谱斜率(slope)特征的编码,一定程度上弥补了 BC 信息量的不足^[3]。考虑到二值化对光谱细节描述的损失, Chang 等在 SPAM 的基础上,引入四值编码 QC(quaternary coding)对光谱斜率特征进行刻画,提出了一种 BC/QC 混合编码方法 SDFC(spectral derivative feature coding),其中,光谱形状特征以二值编码表示^[7]。近年来,有关学者提出了一种用于人工 DNA 计算的编码方式来表征光谱形状特征、斜率特征、振幅(amplitude)特征以及梯度(gradient)特征等^[4-5, 8-9];实际上, DNA 编码是一种纯四值编码方式,即所有光谱特征均以四值表示。

与浮点型原始数值相比,上述光谱编码方式的优势在于其大幅降低了数据存储和传输成本,并且有效提高了运算效率;缺点在于①损失掉了大量信息,仅可用于粗匹配和粗分类等业务,如 BC 编码,②与 BC 相比, QC 在成倍增加编码长度的同时,也成倍增加了存储量,③缺失有效解码方式。与 BC01 不同,深度学习学者 Bengio 所领导的团队提出以±1 二值编码(+1 or -1 binary coding, BC±1)对网络中的权重进行压缩编码;在此基础上, Rastegari 等将 BC±1 推广至卷积层的样本编码,提出了一种仅依赖异或门逻辑运算即可实现的 XNOR-net(exclusive NOR network),实现了网络的大幅压缩和快速运算,但与使用浮点型网络相比, XNOR-net 精度有所降低;基于此,2017 年, Li 等提出了一种高阶残差量化加速模型 HORQ(high-order residual quantization),与 XNOR-net 相比, HORQ-net 对兼顾了 BC±1 编码压缩和算法精度的高性能^[10]。

日臻完善的通用和专业型波谱库的建设发布^[1]以及海量光谱数据的采集^[2]带来了光谱数据存储、传输和分析性能提升的需求。当前,基于 HORQ 的 BC±1 编码主要用于普通 RGB 图片的空间维数据的量化压缩;而工作主要:尝试将 HORQ 空间维量化方法引入到光谱分析中,提出一种光谱高阶二值编码方法 HOBC(high-order binary coding),①基于

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{Type 00:} \quad \text{if } |x(n) - x(n-1)| \leq \Delta \text{ and } |x(n+1) - x(n)| \leq \Delta; \\ \text{Type 01:} \quad \text{if either } |x(n) - x(n-1)| \leq \Delta \text{ and } |x(n+1) - x(n)| > \Delta \\ \quad \text{or } |x(n) - x(n-1)| > \Delta \text{ and } |x(n+1) - x(n)| \leq \Delta; \\ \text{Type 10:} \quad \text{if either } x(n) - x(n-1) < -\Delta \text{ and } x(n+1) - x(n) < -\Delta \quad n = 2, \dots, N-1 \\ \quad \text{or } x(n) - x(n-1) > \Delta \text{ and } x(n+1) - x(n) > \Delta; \\ \text{Type 11:} \quad \text{if either } x(n) - x(n-1) < -\Delta \text{ and } x(n+1) - x(n) > \Delta \\ \quad \text{or } x(n) - x(n-1) > \Delta \text{ and } x(n+1) - x(n) < -\Delta \end{array} \right. \quad (3)$$

式(3)中, Δ 为光谱反射率变化的容限度,当相邻光谱值变化小于该值时,认为无变化,其定义如式(4)

$$\Delta = \frac{1}{N-1} \left(\sum_{n=2}^N |x(n) - x(n-1)| \right) \quad (4)$$

典型光谱数据集,对比 BC, SPAM, SDFC 和 DNA 等编码方式,验证 HOBC 在光谱量化与光谱重构等应用中的优势;②通过多目标光谱分类实验,对比验证 HOBC 在光谱分类应用中的算法性能优劣。

1 算法描述

首先简单介绍 BC01, SPAM, SDFC 和 DNA 等 4 种对比方法;然后介绍 HORQ 网络编码方法,并提出 HOBC 光谱编码与解码流程。

1.1 BC01 编码

为了满足特定目标光谱与波谱库中已有物质的快速匹配需求,可将浮点型光谱数据用 1 比特(bit)的 0~1 序列来表示^[3],即

$$BC^{01}(x(n)) = \begin{cases} 1, & \text{if } x(n) \geq T; \\ 0, & \text{if } x(n) < T \end{cases}, n = 1, 2, \dots, N \quad (1)$$

式(1)中, $x(n)$ 为目标光谱曲线在第 n 通道(Channel, 亦称波段, Band)的反射率(0, 1), N 为通道总数; T 为阈值,一般选为光谱反射率均值。

BC01 编码下不同物质的光谱可分性较差,一般用于光谱粗匹配和粗分类等任务。

1.2 SPAM 编码

作为一种典型的硬阈值编码, BC01 对光谱曲线形状特征进行了粗略表示;在此基础上, SPAM 引入了光谱斜率信息来弥补 BC01 编码信息的损失。形式上, SPAM 编码由两部分码链组成,即 $SPAM = \{SPAM^{\text{shape}}, SPAM^{\text{slope}}\}$, 其中前者与 BC01 编码相同,后者的定义如下

$$SPAM^{\text{slope}}(x(n)) = \begin{cases} 1, & \text{if } x(n+1) \geq x(n-1); \\ 0, & \text{if } x(n+1) < x(n-1) \end{cases}, n = 2, \dots, N-1 \quad (2)$$

式(2)中参数与式(1)相同。显然, $SPAM^{\text{slope}}$ 码链长度为 $N-2$, $SPAM$ 码长近为 BC01 的两倍;但两者在存储方面均仅需 1 bit。

1.3 SDFC 编码

Chang 等参考空间纹理特征编码方法^[11],提出了一种光谱斜率特征的四值编码方法 SDFC^{slope}^[7]。通过比较光谱曲线上某波段反射率 $[x(n)]$ 与前后相邻波段 $[x(n+1), x(n-1)]$ 的差异程度来定义其斜率特征为如下 4 种类型之一

式(4)中各参数与式(3)相同。那么对于 SDFC^{slope} 的编码如式(5)

$$\text{SDFC}^{\text{slope}}(x(n)) = \begin{cases} 00, & \text{if } x(n) \text{ is Type00;} \\ 01, & \text{if } x(n) \text{ is Type01;} \\ 10, & \text{if } x(n) \text{ is Type10;} \\ 11, & \text{if } x(n) \text{ is Type11} \end{cases}, \quad \begin{cases} \beta_i^* = \frac{1}{N} \|X\|_{l_1} \\ H_i^* = \text{sign}(X) \end{cases} \quad (7)$$

$$n = 2, \dots, N-1 \quad (5)$$

基于此, Chang 等提出了一种 BC-QC 混合方法 SDFC = {SDFC^{shape}, SDFC^{slope}} , 其中前者与 BC01 编码相同。与 SPAM 相比, SDFC 的码链长度也为 2N-2, 形状和斜率特征分别以 1 和 2 bits 数值存储, 或全存为 2 bits 数值, 这将使光谱存储量翻倍。

1.4 DNA 编码

DNA 编码是一种纯 QC 方式, 其对光谱斜率的编码方式与 SDFC 相同, 并借鉴 QC 来对光谱形状进行编码^[4-5, 8], 即 DNA = {DNA^{shape}, DNA^{slope}} , 其中, DNA^{slope} 与 SDFC^{slope} 相同; 而 DNA^{shape} 需首先将光谱数据以 3 个阈值划分为 4 个区间, 然后依次编码为 00, 01, 10 和 11。光谱 DNA 码链长度也为 2N-2, 并且均为 2 bits 的四进制数值。

1.5 HOBC 编码

与其他 4 种编码方式不同, XNOR 和 HORQ 采用 ±1 码字。对于 N 维实向量 X ∈ R^N, 假设可将其量化近似为 X ≈ β₁ H₁, 其中, β₁ ∈ R, β₁ > 0, H₁ ∈ {+1, -1}^N, XNOR-net 使用最小二乘估计最小化 X - β₁ H₁ 的 l₂ 范数, 即通过式(6)求解 β₁ 和 H₁

$$\beta_1^*, H_1^* = \arg \min_{\beta_1, H_1} J(\beta_1, H_1) = \arg \min_{\beta_1, H_1} \|X - \beta_1 H_1\|_{l_2} \quad (6)$$

可得解析解为(详细求解过程见文献[10])

式(7)中, sign(X)为 X 的符号函数, x(n) ∈ X, 当 x(n) ≥ 0 时, sign(x(n)) = +1; 当 x(n) < 0 时, sign(x(n)) = -1。

以上即为 XNOR-net 的向量量化编码过程, 基于此, Li 等定义了 X 的一阶残差为

$$R_1(X) = X - \beta_1 H_1 \quad (8)$$

并认为前人的二值量化方法忽略了残差信息, 而使得网络训练模型精度不高; 进而提出了 X 的高阶残差量化近似的编码方式

$$X = \sum_{i=1}^K \beta_i H_i + R_K(X) \approx \sum_{i=1}^K \beta_i H_i \quad (9)$$

式(9)中,

$$\begin{cases} R_0(X) = X \\ R_{i-1}(X) = X - \sum_{j=1}^{i-1} \beta_j H_j, & i = 2, 3, \dots, K \\ H_i = \text{sign}[R_{i-1}(X)], & i = 1, 2, \dots, K \\ \beta_i = \frac{1}{n} \|R_{i-1}(X)\|_{l_1}, & i = 1, 2, \dots, K \end{cases} \quad (10)$$

如此, 通过式(10)的 K 阶残差量化, 可将 X 近似编码为 K 个 {-1, +1}^N 向量。在此基础上, Li 等重点研究了二阶残差量化网络在手写字体(MNIST)和普适物体(CIFAR-10)的识别应用, 发现二阶 HORQ-net 比 XNOR-net 降低了 50% 以上的误差, 同时网络加速为非量化网络的 30 倍^[10]。在形式上, 一阶残差量化编码即 XNOR-net, 与 BC01 编码相似, 如表 1 所示。

表 1 光谱编码方法概况

Table 1 Overviews of spectral coding methods

编码名称	编码长度	存储位深/bits	码字	存储量/bits	解码策略
BC01	N	1	0, 1	N	不明确
SPAM	2N-2	1	0, 1	≈2N	不明确
SDFC	2N-2	1, 2	0, 1, 00, 01, 10, 11	≈3N	不明确
DNA	2N-2	2	00, 01, 10, 11	≈4N	不明确
XNOR	N	1	-1, +1	N	明确
HORQ	KN	1	-1, +1	≈KN	明确

在编码存储空间大小上, BC01, SPAM, SDFC 和 DNA 四种编码分别与 HORQ 的一阶至四阶残差编码相当。

当前, HORQ 主要用于计算机视觉领域的图像空间维数值量化编码, 通过误差反向传播的迭代调参来提升网络精度; 其应用重点在于网络压缩(编码), 而非数据重构(解码)^[10]。数据编码压缩学者美国 Nebraska 大学教授 Khalid

认为, 数据压缩是一门实验科学, 适用于文本压缩的方法不一定适用于图像, 一种方法之所以能适用于某个特定应用, 很大程度上取决于数据的特定结构^[12]。基于此, 尝试将 HORQ 引入到光谱分析中, 提出一种光谱高阶二值量化方法 HOBC, 其主要分为如下的编码和解码两部分:

算法 1: 光谱高阶二值量化

光谱编码	光谱解码
输入: 含有 N 个波段的光谱序列 X; 残差阶数 K, 1 ≤ K ≤ N 输出: K 阶二值表示 X _{KO} 及对应系数 β _{KO} , 光谱均值 Ave	输入: K 阶二值表示 X _{KO} 系数 β _{KO} 光谱均值 Ave

- 1: 去均值: 求 X 中反射率的均值 Ave , X 中各波段反射率减去 Ave , 得到 X' ;
- 2: 根据式(10)求得 K 阶二值表示 X_{KO} 及对应系数 β_{KO} ;
- 3: 返回: X_{KO}, β_{KO}, Ave

输出:

- 光谱 F 阶二值估计 $X_{FO}, 1 \leq F \leq K$
- 1: 根据式(9)求得 F 阶二值估计的近似光谱曲线 X^0 ;
 - 2: 加均值: 对 X^0 中各值加上 Ave , 得到 X_{FO} ;
 - 3: 返回: X_{FO}

从式(9)—式(10)和伪代码可知, HOBC 的高阶编码可以解码低阶序列, 如 4 阶编码可以分别重构出 1~4 阶的解码序列。

鉴于光谱反射率取值在区间 $[0, 1]$, 为避免一阶量化表示全部取+1 码字, 本研究对原始光谱序列进行去均值处理, 以精简量化阶数。为与四种典型方法比较, 设定 HOBC 编码阶数为 4 阶, 1~4 阶解码分别对应于 BC01, SPAM, SDFC 和 DNA 编码。

2 结果与讨论

为定量探究光谱高阶二值量化编码的特性, 首先采用典型光谱库的光谱数据, 对比经典方法来验证本方法 HOBC 在光谱量化编码与光谱近似等方面的优劣; 其次, 选用第三

方多目标光谱数据, 通过监督分类, 比较不同量化编码算法的分类性能。

2.1 光谱编码与近似

从通用型波谱库中选择典型光谱进行实验, 数据为 ENVI 软件自带的美国地质调查局波谱库(第 6 版)矿物光谱(minerals_nicolet_4024), 测量仪器为 Nicolet 光谱仪, 波段范围为 1.28~216 μm , 波段数为 4 024 个, 共有 185 条光谱。

对实验光谱分别进行了 BC01, SPAM, SDFC, DNA 和 HOBC 的编码, 统计了各编码方法中光谱形状特征和光谱斜率特征的信息熵(Entropy)和存储量(Memory)^[12], 光谱形状特征与原始光谱序列之间的光谱矢量距离(spectral vector distance, SVD)、谱间 Pearson 线性相关系数(spectral correlation coefficient, SCC)和光谱角(spectral angle mapping, SAM)^[16]等, 如表 2 所示。

表 2 不同编码方法对典型光谱的编码性能比较

Table 2 Coding performance comparison of different encoding methods for typical spectra

编码方法	信息熵/比特		存储量/kB		SVD	SCC	SAM/弧度
	形状特征	斜率特征	形状特征	斜率特征			
BC01	0.960	—	0.491	—	—	0.879	0.363
SPAM	0.960	0.969	0.491	0.491	—	0.879	0.363
SDFC	0.960	1.096	0.491	0.982	—	0.879	0.363
DNA	1.905	1.096	0.982	0.982	—	0.951	0.205
HOBC 1 阶	0.960	—	0.499	—	0.073	0.879	0.209
HOBC 2 阶	1.819	—	0.994	—	0.046	0.951	0.132
HOBC 3 阶	2.541	—	1.489	—	0.027	0.978	0.082
HOBC 4 阶	3.291	—	1.984	—	0.018	0.986	0.045
原始光谱	6.554	—	15.719	—	—	—	—

注: “—”表示不存在。

Note: “—” means no existence.

结合表 2 和表 1 可知, ①HOBC 可逐阶逼近原始光谱, 在与原始光谱的共变趋势上, 明显优于其他四种编码: HOBC 的 SVD 呈现逐阶递减趋势, 3 阶编码的 SCC 已达 0.97 以上, 其 SAM 的余弦值为 0.996; BC01 的 SCC 与 HOBC1 阶相等, 但其 SAM 远高于 HOBC1 阶; SPAM 的 SCC 明显低于 HOBC2 阶, 且其 SAM 远高于 HOBC2 阶; SDFC 和 DNA 的情况与 SPAM 类似。②HOBC 的 1~4 阶编码存储量分别与 BC01, SPAM, SDFC 和 DNA 相当: BC01, SPAM, SDFC 和 DNA 编码过程中产生 1 到 4 个数量不等的阈值, 但并不能用于其解码, 故原算法中并未加以存储; 而 HOBC 具有明确的解码重构方法, 存储了辅助数据($K+1$ 个, 1 个光谱均值 Ave 和 K 个编码系数 β_{KO}), 因此, 在不考虑解码的情况下, 1~4 阶 HOBC 存储量分别与对应的四种

编码相等。此外, 各方法的编码特征不同: BC01 和 HOBC 仅对形状特征进行编码; 而其他三种对形状和斜率均进行编码。以实验数据集中的阳起石(Actinolite HS22.3B)光谱为例, 各方法的编码结果如图 1(a—i)。

从编码的目视效果上看, ①HOBC 逐阶解码的重构序列与原始光谱之间的近似程度越来越高[图 1(f—i)], 尤其在反射率变化较大的邻近波段, 3 和 4 阶解码均有对应的相似表示, 如第 2 000 波段前后(2.53 μm , 近红外与中红外波段交接处)和第 4 000 波段左侧(108 μm , 超远红外波段), 这些细节在其他编码方式中未见反映。②SPAM, SDFC 和 DNA 中, 1—4024 为其形状特征编码, 4025—8046 为其对斜率特征的编码; 就形状特征而言, 与 BC01[图 1(b—d)]相比, DNA 四值编码[图 1(e)]虽显示出一些波形细节, 但与原始

光谱仍有较大差异；就斜率特征而言，四值编码[图 1(d, e)] 应用中加以验证。比二值编码[图 1(c)]多出一些细节信息，但其作用需在具体

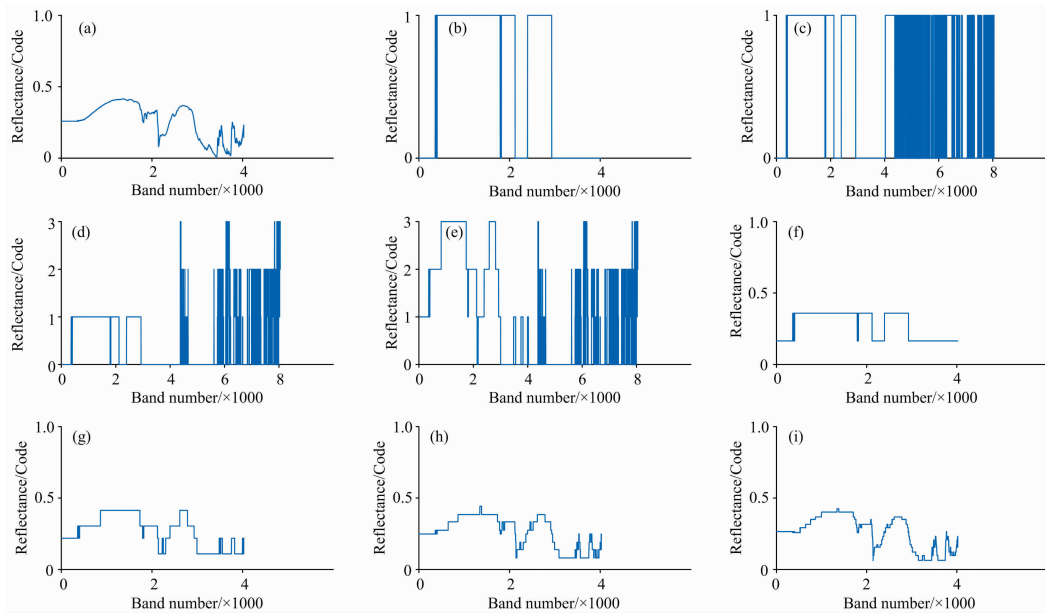


图 1 各编码方法对阳起石光谱的编码/解码比较

(a): 原始光谱; (b): BC01; (c): SPAM; (d): SDFC; (e): DNA; (f): HOBC 1阶; (g): HOBC 2阶; (h): HOBC 3阶; (i): HOBC 4阶

Fig. 1 Encoding/Decoding comparison of different coding methods for the spectrum of Actinolite HS22. 3B

(a): Original spectrum; (b): BC01 coding; (c): SPAM coding; (d): SDFC coding; (e): DNA coding; (f): HOBC 1-order decoding; (g): HOBC 2-order decoding; (h): HOBC 3-order decoding; (i): HOBC 4-order decoding

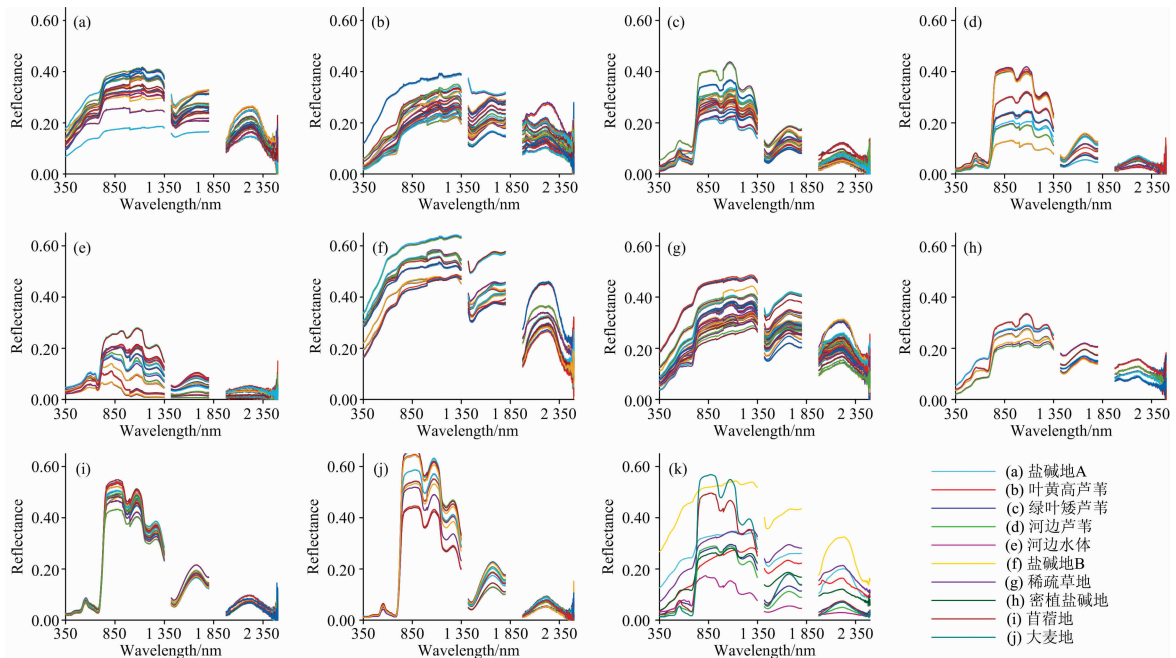


图 2 临泽草地加密观测区地物光谱观测数据集

(a): 盐碱地 A; (b): 叶黄高芦苇; (c): 绿叶矮芦苇; (d): 河边芦苇; (e): 河边水体; (f): 盐碱地 B; (g): 稀疏草地; (h): 密植盐碱地; (i): 苜蓿地; (j): 大麦地; (k): 地物光谱均值

Fig. 2 Dataset of spectral reflectance observations in the Linze grassland foci experimental area

(a): Saline-alkali soil A; (b): Tall reeds with yellow leaves; (c): Low reeds with green leaves; (d): Reeds by riverside; (e): Water by riverside; (f): Saline-alkali soil B; (g): Sparse grassland; (h): Densely planted saline alkali soil; (i): Alfalfa fields; (j): Barley land; (k): The mean spectra of each kind of object above mentioned

2.2 多目标分类实验

2.1 节探讨了 HOBC 与四种对比方法在光谱编码与重构近似方面的特性, 本节将研究各编码方法下目标分类的性能优劣。研究选择第三方公开数据集^[13]作为样例, 观测仪器为 ASD FS3 光谱仪, 光谱分辨率为 3 nm@350~1 000 nm, 10 nm@1 000~2 500 nm, 样例中共有 10 种地物[图 2(a-k)], 光谱范围为 350~2 500 nm, 光谱数据间隔为 1 nm, 除去噪声波段(1 350~1 420 和 1 800~1 975 nm)后, 剩余 1 904 个波段。

对 10 种地物的每条光谱分别进行四种对比方法和 HOBC 1—4 阶的编码, 为了与 BC01 等方法进行客观比较, HOBC 在本实验中仅使用编码, 而非解码重构光谱, 如 HOBC 2 阶编码为长度 2N 的 ± 1 序列。分类器选择为随机森林(random forest), 决策树数量为 100; 对每种地物的光谱随机选择 30% 作为训练, 其余光谱用于测试, 分类性能指标有 Kappa 系数, 总体精度(overall accuracy, OA)和平均分类精度 AA(average accuracy); 分类实验独立进行 100 次, 取平均值作为最终结果(表 3)。

表 3 不同编码方法下地物分类精度统计

Table 3 Classification accuracies for different encoding methods

地物	训练样本	测试样本	原始光谱	BC01	SPAM	SDFC	DNA	HOBC 1 阶	HOBC 2 阶	HOBC 3 阶	HOBC 4 阶
盐碱地 A	13	29	0.919 7	0.838 6	0.887 2	0.831 4	0.897 9	0.801 0	0.849 3	0.894 8	0.877 6
叶黄高芦苇	17	37	0.841 1	0.748 4	0.926 8	0.773 5	0.785 7	0.753 0	0.829 2	0.855 9	0.871 1
绿叶矮芦苇	16	35	0.820 6	0.894 6	0.956 3	0.939 7	0.901 1	0.898 0	0.912 9	0.918 0	0.927 1
河边芦苇	8	16	0.737 5	0.085 6	0.243 8	0.220 6	0.550 6	0.097 5	0.539 4	0.567 5	0.718 8
河边水体	9	21	0.884 8	0.886 2	0.989 5	0.878 1	0.923 8	0.887 1	0.926 2	0.951 0	0.925 2
盐碱地 B	9	20	0.936 0	0.782 0	0.838 5	0.781 0	0.755 5	0.786 0	0.749 5	0.804 0	0.833 5
稀疏草地	18	42	0.874 3	0.794 0	0.965 5	0.838 6	0.928 8	0.790 7	0.906 7	0.918 1	0.915 7
密植盐碱地	4	8	0.498 8	0.530 0	0.298 8	0.186 3	0.382 5	0.500 0	0.717 5	0.675 0	0.677 5
苜蓿地	10	23	0.979 1	0.735 2	0.993 0	0.975 7	0.956 5	0.721 3	0.951 3	0.961 7	0.971 3
大麦地	6	11	0.949 1	0.410 9	0.744 5	0.768 2	0.970 0	0.439 1	0.888 2	0.926 4	0.903 6
Kappa			0.846 2	0.697 2	0.843 4	0.757 4	0.823 9	0.693 0	0.829 4	0.854 8	0.867 8
OA			0.864 8	0.735 4	0.863 3	0.788 5	0.845 9	0.731 7	0.850 4	0.872 5	0.883 8
AA			0.844 1	0.670 6	0.784 4	0.719 3	0.805 3	0.667 4	0.827 0	0.847 2	0.862 1

统计结果表明了本文方法 HOBC 在地物光谱分类上的优势, HOBC 1—2 阶分别与编码存储量相等的 BC01 和 SPAM 达到相似的分类精度; 而 HOBC 3—4 阶编码则明显高于 SDFC 和 DNA 编码, 亦高于 SPAM 和 BC01。从各类地物分类细节上看, 密植盐碱地的分类精度较低, 包括原始光谱在内, SPAM, SDFC 和 DNA 三种方法对该类的分类精度均低于 50%; 其次是河边芦苇一类, 考虑到另有两种芦苇地类, 且河边芦苇的样本相对较少, 故而其分类精度较低, 尤其是 BC01, SPAM 及 SDFC 三种编码均低于 30% 的正确率, 而使得它们的总体和平均分类性能下降。而在这两类地物上, HOBC 均保持了相对较高的分类精度, 鲁棒性较高, 尤其对密植盐碱地, HOBC 各阶编码的分类精度甚至高于原始光谱。

光谱编码方法 HOBC。光谱编码与近似的实验结果表明, 与其他 4 种算法相比, 在保持与之相当的压缩水平下, HOBC 能够简便解码重构出与原始光谱近似的解码序列(4 阶重构序列与原始光谱的光谱矢量距离小于 0.02, 相关系数可达 0.98 以上, 光谱角小于 2.6°), 远优于对比方法; 多目标地物光谱分类的实验表明, 与其他算法相比, HOBC 编码具有最优的光谱分类性能, 且有着较高的鲁棒性。

HOBC 方法侧重于光谱向量的量化编码, 实验结果表明了其在光谱量化和光谱分类应用中的适用性和鲁棒性。与光谱曲线数据相比, 高光谱图像兼顾光谱与空间结构信息, 其量化编码的基本单元可为光谱向量, 可为单个波段, 亦可为光谱/波段混合编码, 即其编码策略并无唯一, 相对复杂。在下一步的研究工作中, 将系统地探究高光谱影像数据的高残差量化方法。

3 结 论

引入空间维数据量化方法 HORQ, 提出了一种高阶残差

References

- [1] ZHANG Ying-tong, XIAO Qing, WEN Jian-guang, et al(张莹彤, 肖青, 闻建光, 等). Journal of Remote Sensing(遥感学报), 2017, 21(1): 12.
- [2] LIU Yuan-yuan, CHEN Jian-jun, QIU Bo, et al(刘园园, 陈建军, 邱波, 等). Spectroscopy and Spectral Analysis(光谱学与光谱分析), 2018, 38(7): 2311.

- [3] Mazer A S, Martin M, Lee M, et al. *Remote Sensing of Environment*, 1988, 24(1): 201.
- [4] JIAO Hong-zan, ZHONG Yan-fei, ZHANG Liang-pei, et al(焦洪赞, 钟燕飞, 张良培, 等). *Journal of Remote Sensing(遥感学报)*, 2010, 14(5): 872.
- [5] Ma A, Zhong Y, Zhao B, et al. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 2016, 54(8): 4402.
- [6] Chang C. *Hyperspectral Data Processing: Algorithm Design and Analysis*. John Wiley & Sons, Inc., 2013.
- [7] Chang C, Chakravarty S, Chen H, et al. *Pattern Recognition*, 2009, 42(3): 395.
- [8] Jiao H, Zhong Y, Zhang L. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 2014, 52(8): 4524.
- [9] Wu K, Zhao D, Zhong Y, et al. *Remote Sensing*, 2016, 8(8): 645.
- [10] Li Z, Ni B, Zhang W, et al. *IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV)*, 2017: 2380.
- [11] Horng M H. *Optical Engineering*, 2003, 42(1): 228.
- [12] Khalid S. *Introduction to Data Compression, Fourth Edition*. Elsevier, 2012.
- [13] MA Ming-guo, WANG Wei-zhen, HAO Xiao-hua, et al(马明国, 王维真, 郝晓华, 等). *WATER: Dataset of Spectral Reflectance Observations in the Linze Grassland Foci Experimental Area(黑河综合遥感联合试验: 临泽草地加密观测区地物光谱观测数据集)*, 2008.

A Novel Method for High-Order Residual Quantization-Based Spectral Binary Coding

KANG Xiao-yan^{1,2}, ZHANG Ai-wu^{1,2*}

1. Key Laboratory of 3D Information Acquisition and Application, Ministry of Education, Capital Normal University, Beijing 100048, China
2. Engineering Research Center of Spatial Information Technology, Ministry of Education, Capital Normal University, Beijing 100048, China

Abstract Spectral binary coding and multivalued coding technology can make objects spectra match, identify, and classify fast; but this kind of quantization coding methods will lose a lot of spectral details, and they cannot decode the reconstructed spectra similar to the original spectra. So they were only used for coarse horizontal applications in the past, such as rough classification. For resolving the above problems, a new spectral coding method, namely, HOBC (High-Order Binary Coding) was proposed based on high-order residual quantization. First, the original spectra were standardized by subtracting their own vector-mean, and thus the spectral sequences with a range of $(-1, 1)$ were obtained. Second, the code with -1 and 1 , its coding coefficient, and the residual (i. e., the first order residual) of a normalized spectrum were computed. Third, the binary codes with ± 1 and their coding coefficients of the residuals from Two-Order to K -Order were computed order by order. At last, the K coding sequences and their corresponding coefficients were obtained. Using a typical spectral library dataset, spectral quantization encoding and decoding reconstruction experiments were carried out, compared with BC01 (spectral Binary Coding with 0 and 1), SPAM (SPectral Analysis Manager), a binary/quaternary hybrid coding, namely SDFC (Spectral Derivative Feature Coding), and a quaternary coding, namely DNA. During the experiments, first, the information entropy and memory storage of spectral shape feature and slope feature were calculated, respectively. Second, the spectral vector distance (SVD), spectral correlation coefficient (SCC), and spectral angle mapping (SAM) between the spectral shape feature and the original spectrum were calculated. The results of above experiments demonstrate that, on coding memory storage, HOBC 1—4 order encodings are equal to BC01, SPAM, SDFC, and DNA, respectively; on coding information entropy, HOBC 1—2 order encodings are equal to BC01 and SPAM, respectively, but HOBC 3—4 order encodings are higher than SDFC and DNA, respectively; on SCC, HOBC one order encoding is equal to BC01, but HOBC 2—4 order encodings are better than SPAM, SDFC, and DNA, respectively; on SAM, HOBC 1—4 order encodings are superior to the above four methods obviously, respectively; the four methods cannot be explicitly decoded and reconstructed, but it is easy to reconstruct the decoding sequence similar to the original spectrum for HOBC, and the SVDs of the reconstruct spectra are diminishing from a lower order to a higher order. Furthermore, the spectral coding and supervised classification experiments of 10 types of ground objects were carried out on the open spectral dataset of the Linze grassland foci experimental area. Results show that, on the three performance evaluation indices, i. e., Kappa value, overall classification accuracy, and average classification accuracy, HOBC is superior to the four coding methods. Especially, the classification performance of HOBC 4-order encoding is better than that of the original spectra. For the objects difficult to classify with small-sample and high similarity between classes, HOBC is also superior to other methods, and it is more robust. There-

fore, first, HOBC can dramatically compress data. Meanwhile, its coding sequence can retain more information and have higher spectral separability, which can be used for fast identification and classification of spectra with high accuracy. At last, its decoding reconstruct data can also be used for the applications of target recognition and classification etc., theoretically, for the high similarity between the reconstruction spectra and original spectra.

Keywords High-order residual quantization; Spectral coding; Binary coding; Quaternary coding; DNA coding

(Received Aug. 27, 2018; accepted Feb. 10, 2019)

* Corresponding author

(上接 3020 页)

论文摘要提交具体步骤:

1. 请您在光谱网上(<http://www.sinospectroscopy.org.cn>)用真实姓名注册,已经注册的用户,请修正和完善您的个人信息。
2. 点击光谱网会议会展栏目,选择《第 21 届全国分子光谱学学术会议暨 2020 年光谱年会》。
3. 点击会议基本情况下的会议快捷通道中的“会议投稿”。
4. 输入用户名和密码登陆,在页面下选择稿件提交。
5. 按照提示提交稿件。

报告形式

为充分利用会议学术交流的效率,会议仍采用“口头报告”和“墙报展示”两种方式进行学术交流。无论是口头报告还是墙报展示,均属大会同等学术交流。为尊重个人意见和便于组委会的安排,请大家在会议注册时,提交“口头报告”或“墙报”的题目。为了鼓励博士、硕士研究生积极参与学术交流活动,本次会议将继续设立“优秀青年论文奖”和“优秀墙报奖”,表彰那些研究水平高、能突出研究内容要点、条理清晰的“口头报告”和“墙报”,大会将给获奖作者颁发优秀论文证书和奖金。同时会议还将邀请国内外知名专家学者就光谱有关学术领域的前沿热点问题作大会报告和主题报告。

主要报告形式有:

1. 大会邀请报告:主要邀请国内外知名专家学者报告光谱分析的前沿技术在各个领域的最新研究进展。
2. 主题邀请报告:本次会议将选择光谱技术的热点应用领域,开设多个专题论坛,邀请在该领域的知名专家作论坛主题报告。
3. 青年论坛报告:为博士、硕士研究生开设交流平台,并评选“优秀青年论文奖”。
4. 口头报告和墙报展示:作为本次会议的主要交流和展示形式。会议统一安排墙报讲解时间,希望作者按时到位讲解。

重要时间

论文截稿日期:2019 年 12 月 30 日

第二轮会议通知:2019 年 10 月(开通会议注册系统)

第三轮会议通知:2020 年 4 月

会议召开期:2020 年 5 月 15—18 日

会议组织机构、注册费及缴纳方式、宾馆住宿介绍及住房预定等信息近期将在会议主页上发布,请您经常浏览光谱网上会议主页,了解会议筹备情况和会议具体安排。网址:<http://www.sinospectroscopy.org.cn>

产品展示

会议热忱邀请国内外仪器厂商前来展示分子光谱(红外、近红外、拉曼、荧光等)、原子光谱等各类光谱仪以及质谱、核磁等其他相关仪器设备。我们将在本次会议的网站和会议现场提供展出场所,希望各厂商充分利用这次机会展示自己的最新产品。

(下转 3027 页)

by home-built system to accomplish the qualitative identification of each encoded micro-quartz pieces. At the same time, the fluorescence of the encoded micro-quartz pieces was excited and the fluorescence signal was collected to complete the quantitative analysis of the target analyte according to the fluorescence intensity value on each encoded micro-quartz pieces. Compared with traditional fluorescence-encoded suspension arrays, Raman spectra encoding method has the advantages of stronger stability and higher spectral resolution. This optical system integrates Raman spectroscopy and fluorescence microscopy, which solves the problem that there is no suspension array detection system based on Raman encoding method at present and can qualitatively and quantitatively analyze a variety of target molecules at the same time, improving the accuracy of the experimental results.

Keywords Suspension array; Optical system; Raman spectroscopy-encoded; Fluorescence intensity; Qualitative and quantitative analysis

(Received Jun. 25, 2018; accepted Nov. 9, 2018)

* Corresponding authors

(上接 3020 页)

会务组联系方式

李成辉(会议稿件)

四川大学分析测试中心

电话: 028-85410280; 18980877825

Email: atcpubs@scu.edu.cn

吴兰(会议咨询)

四川大学分析测试中心

电话: 028-85412512; 13688385033

Email: wulan@scu.edu.cn

王香凤(厂商联络)

北京师范大学分析测试中心

电话: 010-58807981; 13520034335

Email: xiangfeng@bnu.edu.cn

支持媒体:

会议官网: 光谱网 <http://www.sinospectroscopy.org.cn>(会议各类信息发布以光谱网信息为准)

支持媒体:

分析测试百科网 <http://www.antpedia.com/>

仪器信息网 <http://www.instrument.com.cn>

主办单位:

中国光学学会

中国光学学会光谱专业委员会

中国化学会

承办单位:

四川大学分析测试中心