

一种基于背景自学习的高光谱图像生物信息提取方法

张玉香¹ 高旭杨² 王 挺³ 张乐飞² 杜 博²

(武汉大学遥感信息工程学院 武汉 430079)¹ (武汉大学计算机学院 武汉 430072)²

(武汉大学测绘遥感信息工程国家重点实验室 武汉 430079)³

摘要 为了提取指纹、癌变区域等重要的生物信息,传统方法一般是使用物理、化学手段直接作用在信息载体上,这不仅需要较长时间,容易对原有信息及载体造成破坏,而且提取过程不可重现、精度较低。高光谱成像技术避免了获取信息时物理接触造成的破坏,能多次稳定获取图像,成为了一种优秀的生物信息采集途径。在此介绍一种基于背景自学习的高光谱图像信息提取方法,它解决了传统非结构化背景模型适应性不强的问题,利用空间光谱信息进一步提升了信息提取精度。实验证明,该方法能有效对背景信息进行估计,提取完整的生物目标信息,精度优于传统目标信息提取方法。

关键词 高光谱图像,生物信息提取,背景自学习

中图分类号 TP391.4 **文献标识码** A **DOI** 10.11896/j.issn.1002-137X.2015.4.060

Background Self-learning Framework for Bio Information Extraction from Hyperspectral Images

ZHANG Yu-xiang¹ GAO Xu-yang² WANG Ting³ ZHANG Le-fei² DU Bo²

(School of Remote Sensing and Information Engineering, Wuhan University, Wuhan 430079, China)¹

(School of Computer, Wuhan University, Wuhan 430072, China)²

(State Key Laboratory of Information Engineering in Surveying, Mapping and Remote Sensing, Wuhan University, Wuhan 430079, China)³

Abstract Physical or chemical methods are commonly used to extract certain bio information, such as fingerprint extraction, tumor region detection, etc. These methods may not only be time-consuming, but also possibly damage the entire bio information carrier. Meanwhile, the process cannot be recurred and reach a satisfactory accuracy. A new technique, hyperspectral imaging, can be adopted for the information extraction, by which the origin information will not be contaminated and can be able to be acquired from the image repeatedly. We proposed an information extraction method from hyperspectral images based on a background self-learning framework. In the conventional unstructured background models, it may be difficult to accurately estimate the background statistics, neither in a global nor local way. The proposed method can avoid this problem. Considering the spatial spectral information, its performance can be further improved. It is designed to extract fingerprint and tumor region from hyperspectral bio images. The experimental results show the validity and the superiority of our method for the bio information extraction from hyperspectral images.

Keywords Hyperspectral image, Bio information extraction, Background self-learning

1 引言

为了快速准确地提取附着于载体的生物特征信息,或确定生物体表或体内某一区域存在的异常特征信息,传统方法一般采用直接接触提取的方式,这往往会对信息载体造成损伤。通过拍摄含有目标特征信息的图像,对图像进行处理得到这些信息,是更为可靠的方法^[1]。一般而言,基于图像的生物特征提取方法大多是单波段全色图像,通过对图像的形状进行计算,或对图像进行滤波增强等方法获取目标区域形状^[2-6]。但是,传统单波段全色图像存在着明显缺陷:在外界

环境如光照角度等因素存在差异的情况下,单波段全色图像呈现出来的特征会发生较大变化,从而加大了信息提取的难度。随着成像光谱仪的出现,可以获取具有波段数目众多、光谱曲线连续和图谱合一特点的高光谱图像^[7]。利用高光谱技术对生物载体成像,可以获得更加丰富和稳定的信息,利于进行进一步的生物信息提取,对于生物载体上的某些特征信息的提取,可以通过目标探测完成^[8]。近年来涌现了许多基于高光谱图像的目标信息提取方法,最常见的方法有匹配滤波器方法(MF)^[9]、约束能量最小化方法(CEM)^[10]、自适应余弦一致性评估器方法(ACE)^[11]、光谱角方法(SAM)^[12]、正交子

到稿日期:2014-04-22 返修日期:2014-06-27 本文受国家“973计划”资助项目(2012CB719905),国家自然科学基金项目(61102128),中央高校基本科研业务费专项资金(211-274175)资助。

张玉香(1988-),女,博士生,主要研究方向为高光谱遥感影像目标探测,E-mail:zyx_070504@163.com;高旭杨(1992-),男,主要研究方向为模式识别;王 挺(1988-),男,博士,主要研究方向为高光谱遥感影像目标探测,E-mail:wangtingwhu@126.com;张乐飞(1986-),男,讲师,主要研究方向为影像分类、机器学习;杜 博(1983-),男,副教授,主要研究方向为高光谱遥感影像目标探测、模式识别。

空间投影方法(OSP)^[13]等。这些方法中,MF和SAM方法没有抑制背景信息,CEM、ACE和OSP方法在抑制背景信息的同时受到目标信息的影响,导致对背景信息的估计不够准确。本文提出一种高光谱图像背景自学习的目标信息提取算法(Background Self-Learning based Detector,BSLD),其通过准确抑制背景信息使得提取的目标信息更加突出。

2 背景信息自学习的目标信息提取方法

目标信息提取是将感兴趣的目标区域与非目标区域即背景信息分离的过程。为了得到目标信息和背景信息的差异,关键是计算准确的背景估计信息,这也直接决定了信息提取算法的性能。ACE等基于非结构化背景的方法是高光谱图像目标提取的常见方法,其假设不感兴趣区域均质并可由多元正态分布表示,在背景信息和先验目标信息已知的情况下,利用样本数据对背景协方差矩阵进行估计^[14]。Kelly首先提出了以非结构化背景为基础的广义似然比构造探测算法GLR(Generalized Likelihood Ratio),在此基础上又得到了自适应余弦一致性评估ACE和自适应匹配滤波器AMF^[15]。这些方法对背景协方差估计都是直接由整个图像数据计算得到的,但这样做会因为没有排除待提取目标信息而造成一定误差。近年来涌现出很多局部背景估计的方法,这些方法考虑了数据中的空间信息,提高了背景信息估计的精度。一种较为常见的方法是对图像进行分割,然后选择空间上最接近于测试像素点的区域来估计背景的统计数据^[16];另一种常见方法采用滑动窗口的方式,在限定窗口区域大小的同时,还需要引入“内窗口”来排除可能不是背景的信息。这样,不仅内外窗口的大小会影响到整个算法的效果,而且计算不同大小、不规则区域的背景统计信息十分耗时,从而会影响到算法执行效率。

为解决上述问题,本文提出一种背景自学习的方法,根据不同的背景光谱信息构造不同的多元正态分布模型。把背景像素根据光谱信息聚类,进行信息提取时,根据测试像素点和与其空间相关的像素点的光谱信息来决定其背景类构造探测器。基于背景自学习框架的方法能灵活运用各类统计信息,更好地抑制背景、突出要提取的目标,同时减小上述方法的计算复杂度。具体来说,本文提出的背景信息的自学习分为以下5个步骤。

2.1 估计图像中端元个数

端元,也称作基本组分单元,每个端元的光谱信息可以近似地代表图像中的一类信号。使用最小误差高光谱信号辨识法(HySime方法)来估计图像中端元个数^[17]。HySime方法输入原始高光谱图像 d 及其自相关矩阵:

$$R_d = \frac{1}{n} (d^T d) \quad (1)$$

通过噪声估计得到噪声 ξ ,并计算噪声的自相关矩阵:

$$R_\xi = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\xi_i^T \xi_i) \quad (2)$$

然后计算原图像去除噪声后信息的自相关矩阵:

$$R_x = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n [(d_i - \xi_i)^T (d_i - \xi_i)] \quad (3)$$

由上式得到 R_x 的特征组 $E \equiv [e_1, \dots, e_k]$,运用该方法提出的误差最小化公式:

$$(k, \pi) = \arg \min_{k, \pi} \{tr(U_k^T R_d) + 2tr(U_k R_\xi)\}$$

$$= \arg \min_{k, \pi} \{c + \sum_{j=1}^k -p_{i_j} + 2\sigma_{i_j}^2\} \quad (4)$$

计算图像的子空间维数即估计得到的端元数 k ,其中规定 k 维子空间中:

$$E_k \equiv [e_{i_1}, \dots, e_{i_k}] \quad (5)$$

$$U_k = E_k^T E_k \quad (6)$$

$$U_k^\perp = I - U_k \quad (7)$$

c 是不相关常量, p_{i_j} 和 $\sigma_{i_j}^2$ 表示为:

$$p_{i_j} = e_{i_j}^T R_d e_{i_j} \quad (8)$$

$$\sigma_{i_j}^2 = e_{i_j}^T R_\xi e_{i_j} \quad (9)$$

求得的端元数 k 作为后续步骤2.2节中K-Means方法的预置参数。

2.2 背景聚类融合

为了得到同种背景元素形成的背景子空间的统计信息,需要对图像进行聚类融合。第2.1节中已通过HySime方法得到了端元数 k ,此处将其作为聚类数并引入K-Means方法对背景信息进行聚类。设一共有 n 个数据点需要聚为 k 个类,K-Means要做的就是最小化:

$$J = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^k (r_{ij} \|data_i - \mu_j\|^2) \quad (10)$$

其中, r_{ij} 在 $data_i$ 被聚类到 j 时值为1,否则为0。对于K-Means的详细求解,本文不过多阐述,具体实现方法参考文献[18]。

得到聚类信息后,将聚类中心的光谱信息看作向量,计算各聚类间的光谱角 θ_{ij} ,合并光谱角 $\theta_{ij} < T_1$ 的类,对于两聚类中心 c_i, c_j ,光谱角 θ_{ij} 的计算公式为:

$$\theta_{ij} = \arccos \frac{c_i \cdot c_j^T}{\|c_i\| \times \|c_j\|} \quad (11)$$

同时将像素个数少的类合并至最近的类中,避免计算协方差矩阵过程中产生病态矩阵。实验中要求每个聚类中的像素个数不少于图像的波段数。经过上述调整可以得到我们需要的聚类信息,在此基础上计算每个聚类的协方差矩阵。

2.3 目标类的排除

在指纹、肿瘤区域等待识别目标信息像素特别多的情况下,这些像素点会被聚类成单独一类。为了避免非背景信息(目标信息)被聚类加入背景类集合,找到与先验信息光谱特征最接近的类,通过式(11)比较聚类中心与先验信息的光谱角 θ_2 。若 $\theta_2 < T_2$,则判定是目标信息类,需要将该类舍弃;否则,不存在与先验信息接近的类,跳过此步骤。

2.4 最优背景类的选择

在提取目标信息前,先要给每个像素点决定一个背景类,该背景类的统计信息将用于后续目标信息提取计算。对于每个像素,有两种决定背景类的方法,如图1所示。一种是根据先验信息选择背景类的方法,这种方法选择与先验光谱信息距离最近的聚类中心所在的类做背景估计。如图1所示,当为测试像素决定合适的背景类时,方形聚类中心与先验信息最近,则选择该背景类计算协方差矩阵,这样能更好地抑制与先验信息类似而难以区分的虚警像素点;另一种方法是根据测试像素选择背景类,这种方法选择与测试像素光谱信息距离最近的聚类中心所在的类做背景估计。图1中,测试像素点距离椭圆形聚类中心最近,则决定该背景类为测试像素的背景信息进行计算。处于不同位置的像素点具有不同的背景

统计信息,所以后者相较于前者更为可行。经过上述步骤的处理,即可得到背景像素集合,以此求得背景统计协方差 Σ 。

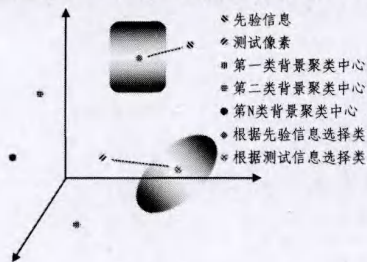


图1 决定背景类的示意图

2.5 目标信息提取

为了更准确地描述像素信息,还要对图像中像素光谱的空间信息加以利用。在此引入滑动窗口的概念,即以当前像素为中心,划定一个正方形区域,以该区域内的所有像素点的信息共同决定当前像素的背景类,如图2所示。合理运用空间信息能避免因像素与未知信息、异常信息混合而造成的光谱波动,更真实地描述测试像素的真实光谱信息。其计算方法很多,本文采取的是对窗口内的所有像素点进行加权平均的方法,窗口大小可以根据实际情况进行调整, $size$ 值常取1、2、3等,对窗口内的每个像素 (i, j) 赋予权值:

$$\omega_{ij} = \frac{1}{\sqrt{(x-i)^2 + (y-j)^2}} \quad (12)$$

其中, (x, y) 表示窗口中心位置, $i \in [x-size, x+size], i \neq x$; $j \in [y-size, y+size], j \neq y$ 。

$\frac{1}{\sqrt{2}}$	1	$\frac{1}{\sqrt{2}}$
1	w	1
$\frac{1}{\sqrt{2}}$	1	$\frac{1}{\sqrt{2}}$

(a) $size=1$

$\frac{1}{\sqrt{8}}$	$\frac{1}{\sqrt{5}}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{\sqrt{5}}$	$\frac{1}{\sqrt{8}}$
$\frac{1}{\sqrt{5}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	1	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{5}}$
$\frac{1}{2}$	1	w	1	$\frac{1}{2}$
$\frac{1}{\sqrt{5}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	1	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{5}}$
$\frac{1}{\sqrt{8}}$	$\frac{1}{\sqrt{5}}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{\sqrt{5}}$	$\frac{1}{\sqrt{8}}$

(b) $size=2$

图2 滑动窗口权值图示

对窗口内像素加权平均:

$$\omega_d d_{ij} = \frac{\sum_{i=x-size}^{x+size} \sum_{j=y-size}^{y+size} \omega_{ij} d_{ij}}{\sum_{i=x-size}^{x+size} \sum_{j=y-size}^{y+size} \omega_{ij}} \quad (13)$$

由此得到具有空间信息的测试像素点光谱信息,然后利用广义似然比方法可以得到算法表达,为:

$$D_{BSL}(x) = \frac{(t^T \Sigma^{-1} x)^2}{(t^T \Sigma^{-1} t)(x^T \Sigma^{-1} x)} \quad (14)$$

其中, x 为测试像素的光谱向量,将式(13)中的加权平均结果

作为 x 代入式(14)中, t 为先验光谱信息, Σ 是由测试像素决定的背景类协方差。由上式对每个像素进行计算,得到的值通过阈值划分来判定是否为我们需要提取的目标信息。

假设原始高光谱图像数据为 $data$, 输入阈值 T_1 和 T_2 、窗口大小 $size$ 和窗口中心元素权值 w , 使用本文提出的方法进行目标信息提取的完整流程如图3所示。

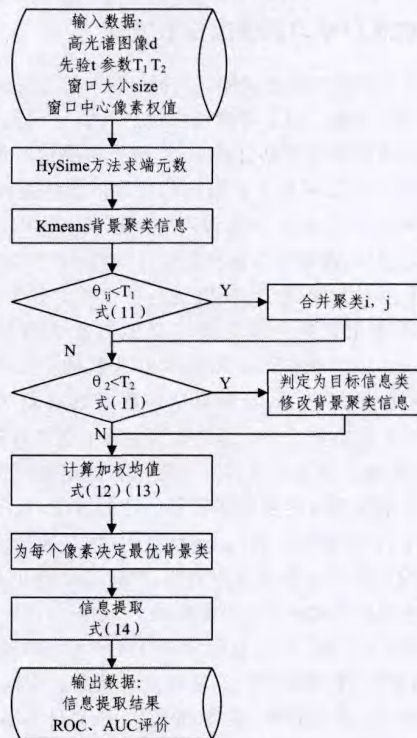


图3 BSLD方法流程

3 实验与分析

为了验证本文所述方法的可行及有效性,本文使用两组高光谱生物图像进行实验,将BSLD方法与自适应余弦一致评估(ACE)、约束能量最小化方法(CEM)、匹配滤波器(MF)进行对比。

3.1 性能评价指标

本文采用ROC(Receiver Operating characteristic)曲线来评价算法的性能,ROC曲线是计算正确提取率和虚警率对应单位坐标系中点构成的曲线。在2.5节中,对每个像素点都由提取决策算法得到一个决策值,通过变化阈值得到算法的多组正确提取率和虚警率,在坐标系中描点后连接起来绘制成完整的ROC曲线。阈值越高,正确提取率和虚警率就越低。理论上,我们希望在低虚警率的情况下获得较高的正确提取率,也就是说曲线越向左上角凸出,算法的性能越好。另一种比较方法是比较曲线下面积AUC(Area Under the Curve of ROC),AUC值越大则算法的性能越好^[19]。

3.2 指纹信息提取实验

指纹信息提取实验数据是一幅波段数为31、大小为640*512的信封局部高光谱图像。图4示出波段分别为1、11、21、31的灰度图像。从灰度图上看,只有第一个波段能明显地识别指纹,但也与背景信息重叠或遮挡,大大增加了指纹形状提取的难度。



图4 指纹数据中的4个波段

为了后续的定量评价,需要提供指纹参考位置,即 ROI (Regions of Interest),该数据共有 8697 个指纹标记点。同时选择 $(Sample, Line) = (290, 147)$ 的像素点作为先验信息进行实验。取实验参数 $T_1 = 0.8, T_2 = 0.1$, 窗口大小 5, 窗口中心像素权值为 3 能得到最好的实验效果。如图 5 所示,除了被油墨覆盖掉的部分以外,指纹信息能清晰地提取出来,同时也能提取出被油墨遮盖住的部分指纹纹路。图 6 中,对比其他方法的 ROC 曲线可以看到,BSLD 方法(实曲线)整体处于最上方,表 1 中 AUC 值也反映出该方法有着最好的指纹信息提取性能。

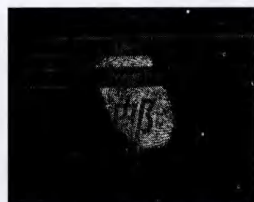


图5 指纹信息提取效果

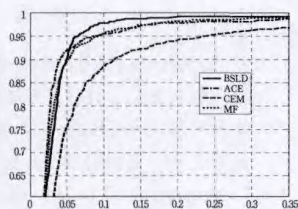


图6 指纹信息提取的 ROC 曲线评价

表1 指纹信息提取的 AUC 面积评价

算法	BSLD	ACE	CEM	MF
AUC	0.9747	0.9706	0.9426	0.9697

3.3 医学图像中肿瘤区域信息提取实验

在肿瘤区域信息提取实验中,选取的数据是一幅波段数为 13、光谱分辨率为 5nm、大小为 220×200 的小白鼠躯干部分的高光谱图像。图 7 示出其中波段 1、5、9、13 的灰度图像及红绿蓝 3 波段合成的彩色图像,背部为涂抹的银光粉,腹部有堆积食物。该数据给出的是前列腺肿瘤细胞样本,但是无法清晰地从波段图像上辨别出肿瘤区域的准确和完整位置,而合成图像能显示出肿瘤区域的大致位置,如图中椭圆部分,本文算法尝试将该区域完整准确地提取出来。

如图 8 所示,不难发现,从后腿根部一直往上的前列腺区域的分布信息十分明显,在原高光谱图像中难以定位的肿瘤区域被清晰地提取出来。尽管在躯体周围的位置有一些虚警,但是在医学领域应用中的影响并不大。若要得到更精确的图像,需限定更高的决策阈值。对照数据给出的 ROI 信息绘制 ROC 曲线,如图 9 所示,可以看到 BSLD 方法(实曲线)仍优于其他 3 种方法。表 2 中 AUC 面积也稍有提升,其值达到 99.1%,可见 BSLD 可以准确地确定肿瘤区域。

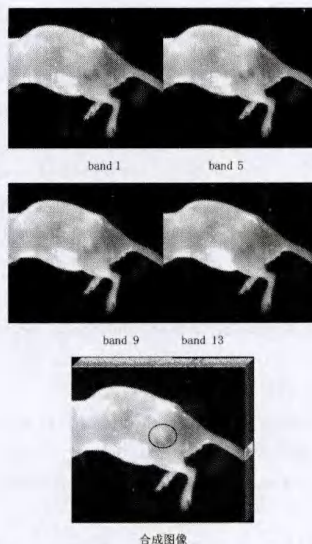


图7 肿瘤数据中的4个波段及合成图像



图8 肿瘤区域信息提取效果

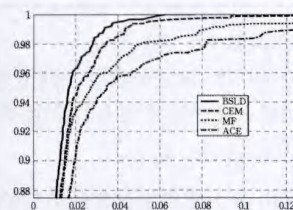


图9 肿瘤区域信息提取的 ROC 曲线评价

表2 肿瘤区域信息提取的 AUC 面积评价

算法	BSLD	ACE	CEM	MF
AUC	0.9910	0.9758	0.9905	0.9828

结束语 本文提出了一种背景自学习的高光谱图像生物信息提取方法,很好地弥补传统高光谱图像处理对背景信息估计的不足,使得背景信息被抑制,目标信息更容易提取出来。两组对比实验都证明,该方法可以完整清晰地提取出目标生物信息,提取效果优于经典的 ACE、CEM、MF 等方法。

参考文献

- [1] 王崇文,李见为. 指纹取像与指纹识别[J]. 计算机工程, 2002, 28(4): 10-12
- [2] Sudiro SA, Paindavoine M, Kusuma T M. Simple fingerprint minutiae extraction algorithm using crossing number on valley structure[C]// 2007 IEEE Workshop on Automatic Identification Advanced Technologies. IEEE, 2007: 41-44
- [3] Lee C J, Wang S D. Fingerprint feature extraction using Gabor filters[J]. Electronics Letters, 1999, 35(4): 288-290
- [4] Zhang Q, Yan H. Fingerprint classification based on extraction and analysis of singularities and pseudo ridges[J]. Pattern Recognition, 2004, 37(11): 2233-2243
- [5] Abbas Q, Celebi M E, García I F. Skin tumor area extraction using an improved dynamic programming approach[J]. Skin Research and Technology, 2012, 18(2): 133-142
- [6] Gil J, Wu Hai-shan, Wang B Y. Image analysis and morphometry in the diagnosis of breast cancer[J]. Microscopy Research and Technique, 2002, 59(2): 109-118
- [7] 张兵,高连如,等. 高光谱图像分类与目标探测[M]. 北京: 科学出版社, 2011

[8] 黄远程. 高光谱影像混合像元分解的若干关键技术研究[D]. 武汉: 武汉大学, 2010

[9] Manolakis D, Shaw G. Detection algorithms for hyperspectral imaging applications [J]. Signal Processing Magazine, IEEE, 2002, 19(1): 29-43

[10] Harsanyi J C, Farrand W H, Chang C I. Detection of subpixel signatures in hyperspectral image sequences[C]//Proceedings of the American Society for Photogrammetry and Remote Sensing, 1994: 236-247

[11] Scharf L L, McWhorter L T. Adaptive matched subspace detectors and adaptive coherence estimators[C]//Conference Record of the Thirtieth Asilomar Conference on Signals, Systems and Computers, 1996. IEEE, 1996: 1114-1117

[12] Park B, Windham W R, Lawrence K C, et al. Contaminant classification of poultry hyperspectral imagery using a spectral angle mapper algorithm [J]. Biosystems Engineering, 2007, 96 (3): 323-333

[13] Chang C I. Orthogonal subspace projection (OSP) revisited: a comprehensive study and analysis [J]. IEEE Transactions on Ge-

oscience and Remote Sensing, 2005, 43(3): 502-518

[14] 刘凯, 张立福, 杨杭, 等. 面向对象分析的非结构化背景目标高光谱探测方法研究 [J]. 光谱学与光谱分析, 2013, 33(6)

[15] Fuhrmann D R, Kelly E J, Nitzberg R. A CFAR Adaptive-Matched Filter Detector [J]. IEEE Transaction on Aerospace and Electronic Systems, 1992, 28(1): 208-216

[16] Matteoli S, Acito N, Diani M, et al. An automatic approach to adaptive local background estimation and suppression in hyperspectral target detection [J]. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, 2011, 49(2): 790-800

[17] Bioucas-Dias J M, Nascimento J M P. Hyperspectral subspace identification [J]. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, 2008, 46(8): 2435-2445

[18] 王千, 王成, 冯振元, 等. K-means 聚类算法研究综述 [J]. 电子设计工程, 2012, 20(7): 21-24

[19] DeLong E R, DeLong D M, Clarke-Pearson D L. Comparing the areas under two or more correlated receiver operating characteristic curves: a nonparametric approach [J]. Biometrics, 1988, 44 (3): 837-845

(上接第 275 页)

分类精度, 该分类精度可以作为一个标尺, 判断选择的波段子集能否在一定程度上消除全波段的干扰。

$$OA = \frac{\sum_{k=1}^n p_{kk}}{p} \quad (6)$$

其中, n 为图像中包含的类别的数目, p_{kk} 为第 k 类被正确分类的像元数目, p 为像元总数。

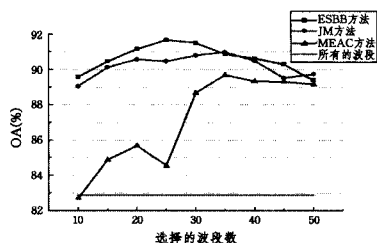


图 2 不同波段选择方法不同波段数目的分类精度

从上述的实验结果可以看出: (1) 分类精度随着波段数目的增加, 总体呈现先上升后下降的趋势; (2) 选择的波段子集能够得到比全部波段要高的分类精度; (3) ESBB 方法在 25 个波段时达到最高分类精度 91.67%, 而 JM 算法在 35 个波段得到 90.97% 的分类精度, 本文方法利用较少的波段数目达到了最高的分类精度。

从上述的实验现象可以发现: 并不是波段越多, 分类精度越高, 过高的波段数目反而会增加类内的变化, 从而增加分类的难度, 因此, 快速有效的波段选择算法十分重要。本文提出的基于马氏距离的波段选择算法可以满足应用需求。

结束语 高光谱传感器设计之初是为了保证各类地物的准确的表达, 因为对于不熟悉的地物, 我们并不清楚利用哪些波长可以完整地描述该地物的特征光谱, 所以高光谱传感器将整个波长范围近乎均匀划分, 得到信息丰富的高光谱曲线。但是, 当我们确定图像中的地物类别以后, 并不需要所有的波段来表征地物特征, 只需要某些特定波长的反射率即可将图像中的各类地物完美区分, 此时, 过多的波段反而制约了图像的解译, 因此高光谱图像的波段选择十分重要。

基于此, 本文提出的基于类别可分性的高光谱图像波段选择算法可以快速有效地进行波段的选择, 与其他的监督方

法相比, 该方法不需要大量训练样本, 不需要对每个组合做分类处理, 而且不需要单独的初始波段选择, 鲁棒性强。通过实验对比, 本文提出的算法可以达到较高的精度, 是一种有效的波段选择算法。

参 考 文 献

[1] 杜博, 张良培, 李平湘, 等. 一种基于随机场模型的高光谱影像目标探测算法 [J]. 计算机科学, 2010, 37(6): 289-292

[2] 李洪利, 沈焕锋, 杜博, 等. 一种高保真同态滤波遥感影像薄云去除方法 [J]. 遥感信息, 2011(1): 41-44

[3] Iarraguerri A. Visual method for spectral band selection [J]. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, 2004, 1(2): 101-106

[4] Huang Rui, He Ming-yi. Band selection based on feature weighting for classification of hyperspectral imagery [J]. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, 2005, 2(2): 156-159

[5] Backer S D, Kempeneers P, Debruyne W, et al. A band selection technique for spectral classification [J]. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, 2005, 2(3): 319-323

[6] 吴昊, 李士进, 林林, 等. 多策略结合的高光谱图像波段选择新方法 [J]. 计算机科学与探索, 2010, 4(3): 465-468

[7] 苏红军, 杜培军, 盛业华. 高光谱影像波段选择算法研究 [J]. 计算机应用研究, 2008, 25(4): 1093-1096

[8] 葛亮, 王斌, 张立明. 基于偏最小二乘法的高光谱图像波段选择 [J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2011, 23(11): 1844-1852

[9] Xu Ming-ming, Du Bo, Zhang Liang-pei. Spatial-Spectral information based abundance-constrained endmember extraction methods [J]. IEEE Journal of Selected Topics in Applied Earth Observations and Remote Sensing, 2014, 7(8): 2004-2015

[10] Mahalanobis P C. On the generalised distance in statistics [C]// Proceedings of the National Institute of Science of India, 1936, 12: 49-55

[11] De Maesschalck R, Jouan-Rimbaud D, Massart D L. The mahalanobis distance [J]. Chemometrics and intelligent laboratory systems, 2000, 50(1): 1-18

[12] Yang He, Du Qian, Su Hong-jun, et al. An efficient method for supervised hyperspectral band selection [J]. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, 2011, 8(1): 138-142