



Politechnika Wrocławska

Kompresja Informacji

Część 4

Kwantyzacja wektorowa. Algorytm grupowania wektorów NN. Algorytm uczenia bez nadzoru LBG. Grupowanie hierarchiczne. (3h)

Robert Hossa, Katedra Teorii Sygnałów

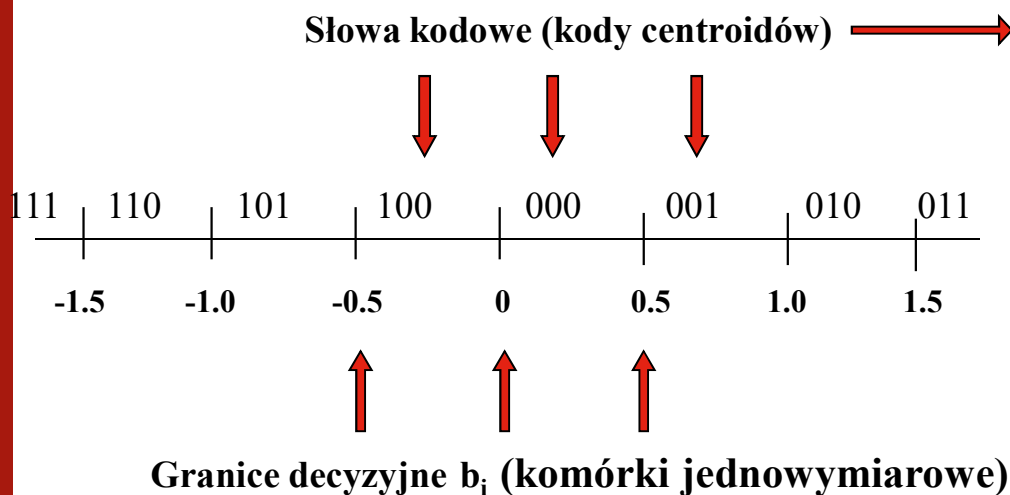


Kwantyzacja skalarna - przypomnienie

Kwantyzacja – proces odwzorowania dużego zbioru (na ogół nieskończonego ciągłych wartości) w znacznie mniejszy zbiór (skończony).

Typowy kwantyzator składa się z odwzorowania kodującego (przetwornik A/D) i dekodującego (przetwornik D/A). Koder dzieli zbiór wartości wejściowych na ustaloną liczbę przedziałów, z których każdy jest stowarzyszony z innym słowem kodowym. Takie odwzorowanie nie jest odwracalne.

Odwzorowanie wejściowe (A/D)



Odwzorowanie wyjściowe (D/A)

Kody wejściowe	Poziomy rekonstrukcji y_i (wartości centroidów)
011	2.0
010	1.5
001	1.0
000	0.5
100	-0.5
101	-1.0
110	-1.5
111	-2.0



Kwantyzacja wektorowa - wprowadzenie

Kwantyzacja wektorowa polega na pogrupowaniu pojedynczych próbek sygnału w bloki o długości N próbek, czyli N -wymiarowe wektory.

W procesie kwantyzacji wektorowej każdemu z utworzonych N -wymiarowych wektorów wejściowych przypisuje się N -wymiarowy poziom kwantyzacji (centroid), czyli wektor reprezentujący N -wymiarowy przedział kwantyzacji .



Kwantyzacja wektorowa - wprowadzenie

N-wymiarowa kwantyzacja oznacza, że przekształcenia są dokonywane na wektorach złożonych z N próbek.

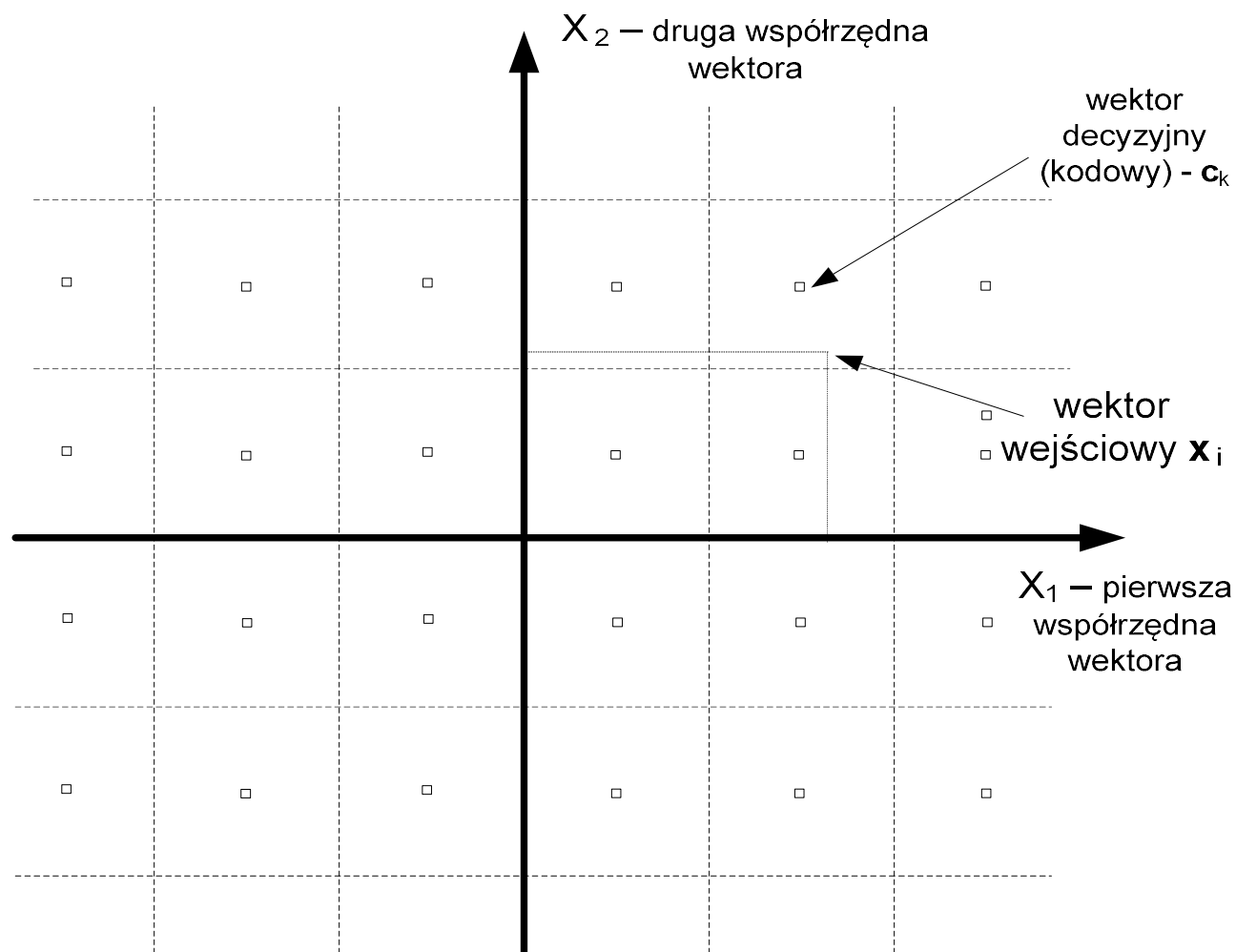
N-wymiarowe przedziały kwantyzacji są nazywane **komórkami**,

N -wymiarowe poziomy kwantyzacji – **wektorami kodowymi (decyzyjnymi)**.

Zbiór wektorów kodowych jest nazywany **książką kodową**.

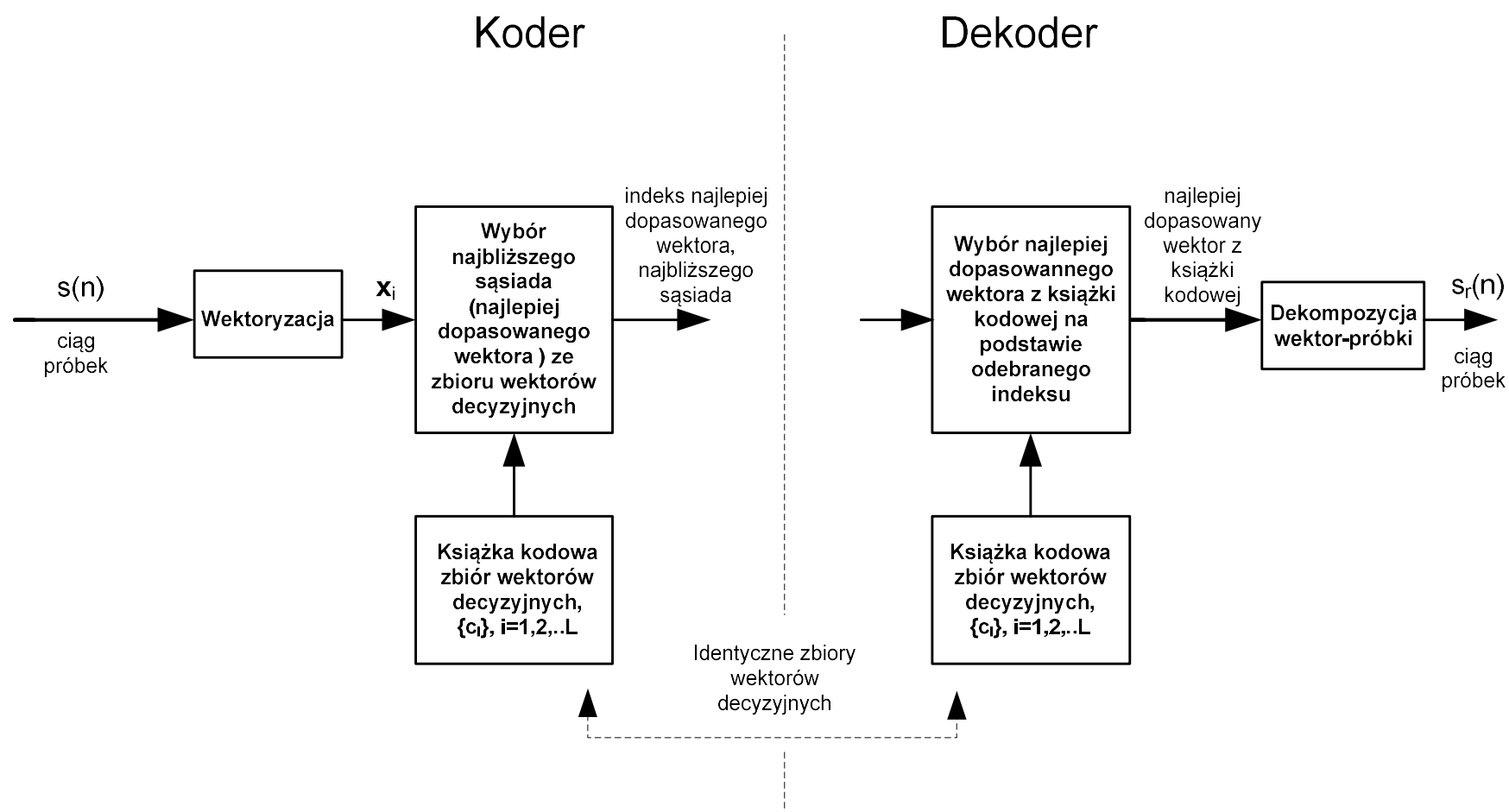


Przykład – schemat kwantyzacji dla wektora z $N=2$ składowymi





Kwantyzacja wektorowa – schemat dla kwantyzacji z przeszukiwaniem zupełnym FS VQ (Full Search Vector Quantization) – przykład przetwarzania blokowego





Stopień kompresji - przykład

Przykład.

Wyznaczyć stopień kompresji η dla przypadku, w którym $N=4$ próbki (współrzędne wektora), każda z nich jest zapisana na $R=12$ bitach a liczba wektorów kodowych (wzorcowych) wynosi $L=512$.

$$\eta = \frac{I_{WE}}{I_{WY}}$$

← ilość informacji na wejściu
← ilość informacji na wyjściu

W rozważanym przykładzie mamy:

$$\eta = \frac{I_{WE}}{I_{WY}} = \frac{K R N}{K \log_2 L} = \frac{R N}{\log_2 L} = \frac{4 \cdot 12}{\log_2 512} = \frac{48}{9} = \frac{16}{3}$$

↓

K- ilość bloków (wektorów) na **WE**,
ilość słów kodowych na **WY**

↓

ilość bitów potrzebnych do zaadresowania L
wektorów w książce kodowej



Wyznaczanie szybkości transmisji na wyjściu kodera- przykład

Przykład.

Wyznaczyć szybkość transmisji na wyjściu kodera dla przypadku, w którym $f_s=8$ kHz, $N=4$ próbki (współrzędne wektora), każda z nich jest zapisana na $R=12$ bitach a liczba wektorów kodowych (wzorcowych) wynosi $L=512$.

$$v = \underbrace{\frac{f_s}{N}} r = \frac{f_s}{N} \underbrace{\log_2 L}$$



ilość wektorów na wejściu kodera na 1 s,
szybkość wektorowa



ilość bitów potrzebnych do
zakodowania L centroidów

W rozważanym przykładzie mamy:

$$v = \frac{f_s}{N} \log_2 L = \frac{8000}{4} \log_2 L = 2000 \log_2 L = 2 \log_2 L = 2 r \text{ [kb / s]}$$



Problem podziału na komórki i wyboru najbliższego sąsiada

W procesie kwantyzacji wektorowej należy dokonać:

1. Podziału przestrzeni R^N na komórki S_i ($i=1,2,.. L$), gdzie L – ilość komórek).
2. Doboru odpowiednich wektorów wzorcowych (centroidów) r_i wynikającego z powyższego podziału

a zatem muszą być spełnione 2 warunki optymalności.



Optymalny kwantyzator wektorowy - warunek najmniejszego błędu

1. Warunek najmniejszego błędu

Jeżeli wektor wejściowy \mathbf{x} należy do komórki \mathbf{S}_i ze znanym wektorem kodowym \mathbf{r}_i , to:

$$d(\mathbf{x}, \mathbf{r}_i) \leq d(\mathbf{x}, \mathbf{r}_j) \text{ dla każdego } i \neq j, \quad 1 \leq j \leq L,$$

gdzie $d(\mathbf{x}, \mathbf{r})$ (**d - distance**) jest wybraną miarą błędu kwantyzacji.

Najczęściej używaną miarą błędu jest błąd średniokwadratowy MSE

$$d(\mathbf{x}, \mathbf{r}_i) = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N (x_k - r_{i,k})^2 = \frac{1}{N} \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_i\|^2$$

a warunek najmniejszego błędu jest nazywany **warunkiem najbliższego sąsiada**.



Optymalny kwantyzator wektorowy - warunek centroidu

2. Warunek centroidu

Dla każdej komórki S_i (a zatem zakładamy znajomość podziału na obszary) wektor r_i minimalizuje średni błąd kwantyzacji D_i (**D – distortion**)

$$\min_{r_i} D_i = \min_{r_i} \int_{\mathbf{x} \in S_i} d(\mathbf{x}, r_i) p_i(\mathbf{x}) d\mathbf{x},$$

gdzie $p_i(\mathbf{x})$ - funkcja rozkładu prawdopodobieństwa wystąpienia wektora \mathbf{x} w komórce S_i .



Optymalny kwantyzator wektorowy - podsumowanie

Warunek najmniejszego błędu pozwala określić obszary komórki S_i na podstawie znanych wartości wektorów kodowych r_i oraz błędu kwantyzacji .

Warunek centroidu określa sposób wyznaczenia optymalnego wektora kodowego r_i dla ustalonego (znanego) obszaru komórki S_i .

Niestety warunki **1** i **2** wymagają znajomości rozkładów prawdopodobieństw $p(\mathbf{x})$ oraz obliczenia całki po obszarze nieregularnym w przestrzeni N wymiarowej.



Optymalny kwantyzator wektorowy - warunek centroidu

W praktyce, do określenia wektorów kodowych \mathbf{r}_i oraz obszarów komórek \mathbf{S}_i używa się odpowiednio dobranych sekwencji wektorów treningowych.

Na początek rozważmy zatem problem wyznaczenia optymalnego reprezentanta (centroidu) \mathbf{r}_i dla sekwencji treningowej $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1,2,\dots,L}$ reprezentującej obszar komórki \mathbf{S}_i oraz rozkładów prawdopodobieństw $p_i(\mathbf{x})$ (problem optymalizacji lokalnej).



Pojedynczy centroid dla zbioru wektorów treningowych

Sformułowanie problemu optymalizacji lokalnej

Dla zbioru L wektorów treningowych $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1,2,\dots,L}$ znaleźć punkt (wektor) \mathbf{r}_i , który jest rozwiązaniem zadania optymalizacji:

$$\min_{\mathbf{r}} D = \sum_{i=1}^L d(\mathbf{x}_i, \mathbf{r}) = \sum_{i=1}^L \|\mathbf{x}_i - \mathbf{r}\|_2^2. \quad \leftarrow \text{porównaj z warunkiem centroidu}$$

Z uwagi na fakt, iż funkcja D jest wypukła i kwadratowa, warunek konieczny i wystarczający na optymalność:

$$\partial D / \partial \mathbf{r} = \mathbf{0}$$

prowadzi do rozwiązania:

$$\mathbf{r} = \frac{1}{L} \sum_{i=1}^L \mathbf{x}_i,$$

które jest nazywane **środkiem ciężkości** lub **centroidem** komórki S .



Optymalny podział na komórki zbioru wektorów treningowych

Założmy obecnie, że dysponujemy dużym zbiorem wektorów treningowych, który został podzielony wstępnie na K komórek S_i , dla których wyznaczono wektory wzorcowe \mathbf{r}_i w oparciu o optymalizację lokalnego kryterium MSE czyli D_i .

W efekcie takiego podziału wektorów treningowych oraz optymalizacji lokalnych otrzymano następującą wartość **kryterium globalnego** (całkowite zniekształcenie):

$$D = \sum_{i=1}^K D_i(\mathbf{x}, \mathbf{r}_i) = \sum_{i=1}^K \sum_{\mathbf{x} \in S_i} d(\mathbf{x}, \mathbf{r}_i) = \sum_{i=1}^K \sum_{\mathbf{x} \in S_i} \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_i\|_2^2, \quad \mathbf{r}_i = \frac{1}{n_i} \sum_{\mathbf{x} \in S_i} \mathbf{x}.$$

Nietrudno w tym miejscu zauważyć, że wartość kryterium globalnego zależy wyłącznie od sposobu podziału zbioru wektorów treningowych na komórki.



Optymalny podział na komórki zbioru wektorów treningowych

Przesunięcie pojedynczego wektora \mathbf{x} sekwencji treningowej z komórki \mathbf{S}_i do komórki \mathbf{S}_j powoduje następujące zmiany:

centroidy:

$$\mathbf{r}_i^{new} = \frac{\sum_{\mathbf{x} \in \mathbf{S}_i} \mathbf{x} - \mathbf{x}}{n_i - 1} = \mathbf{r}_i - \frac{\mathbf{x} - \mathbf{r}_i}{n_i - 1}; \quad \mathbf{r}_j^{new} = \frac{\sum_{\mathbf{x} \in \mathbf{S}_j} \mathbf{x} + \mathbf{x}}{n_j + 1} = \mathbf{r}_j + \frac{\mathbf{x} - \mathbf{r}_j}{n_j + 1};$$

lokalne kryteria:

$$D_i^{new}(\mathbf{x}, \mathbf{r}_i^{new}) = \left(\sum_{\mathbf{x} \in \mathbf{S}_i} \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_i^{new}\|^2 \right) - \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_i^{new}\|^2 = \underbrace{D_i(\mathbf{x}, \mathbf{r}_i) - \frac{n_i}{n_i - 1} \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_i\|^2}_{\text{zmniejszenie lokalnego zniekształcenia w komórce } \mathbf{S}_i};$$

$$D_j^{new}(\mathbf{x}, \mathbf{r}_j^{new}) = \left(\sum_{\mathbf{x} \in \mathbf{S}_j} \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_j^{new}\|^2 \right) + \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_j^{new}\|^2 = \underbrace{D_j(\mathbf{x}, \mathbf{r}_j) + \frac{n_j}{n_j + 1} \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_j\|^2}_{\text{zwiększenie lokalnego zniekształcenia w komórce } \mathbf{S}_j}.$$



Optymalny podział na komórki zbioru wektorów treningowych

W konkluzji stwierdzamy, że przesunięcie pojedynczego wektora \mathbf{x} sekwencji treningowej z komórki \mathbf{S}_i do komórki \mathbf{S}_j jest dopuszczalne, jeżeli taka operacja zmniejsza wartość kryterium globalnego D a zatem jeżeli zachodzi warunek:

$$D - D^{new} = \frac{n_i}{n_i - 1} \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_i\|^2 - \frac{n_j}{n_j + 1} \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_j\|^2 > 0.$$

Dla dużych ilości wektorów treningowych w komórkach \mathbf{S}_i oraz \mathbf{S}_j mamy:

$$\frac{n_i}{n_i - 1} \approx \frac{n_j}{n_j + 1}$$

a zatem warunek optymalnego przesunięcia wektora \mathbf{x} zmniejszającego całkowite zniekształcenie D przyjmuje postać:

$$\|\mathbf{x} - \mathbf{r}_i\|^2 - \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_j\|^2 > 0.$$



Optymalny podział na komórki zbioru wektorów treningowych

Ostatecznie przyjmujemy, że jeżeli jest spełniony warunek:

$$\|\mathbf{x} - \mathbf{r}_i\|^2 > \|\mathbf{x} - \mathbf{r}_j\|^2, \quad \leftarrow \text{porównaj z warunkiem najmniejszego błędu}$$

to przesunięcie pojedynczego wektora \mathbf{x} sekwencji treningowej z komórki \mathbf{S}_i do komórki \mathbf{S}_j zmniejsza wartość kryterium globalnego D.

Warto w tym miejscu nadmienić, że algorytm wykorzystujący poniższą regułę grupowania jest określany w literaturze jako k-means clustering.

Niestety globalna funkcja celu D posiada wiele lokalnych minimum a zatem wynik końcowy algorytmu będzie zależny od warunków początkowych, czyli początkowego podziału wektorów treningowych.



Algorytm centroidów LBG

Wyznaczanie książki kodowej przy pomocy sekwencji wektorów treningowych - algorytm LBG (Linde, Buzo, Gray).

Dane wejściowe:

zbiór wektorów treningowych $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1,2,\dots,M}$

zbiór wektorów kodowych $\{\mathbf{r}_i^1\}_{i=1,2,\dots,L}$, licznik pętli k z wartością początkową $k=1$,

próg zatrzymania algorytmu d_n , wartość początkowa błędu kwantyzacji $D(0) = \infty$.

1. Znajdź obszary komórek (zbiory wektorów treningowych) w oparciu o warunek najmniejszego błędu (warunek najmniejszego błędu):

$$\mathbf{x}_m \in \mathbf{S}_i^k \text{ wtedy i tylko wtedy, gdy } d(\mathbf{x}_m, \mathbf{r}_i^k) \leq d(\mathbf{x}_m, \mathbf{r}_j^k) \quad \forall_{i \neq j}, \quad 1 \leq j \leq L.$$



Algorytm centroidów LBG

2. Oblicz całkowity (globalny) błąd kwantyzacji (zniekształcenia):

$$D^k = \sum_{i=1}^L D(\mathbf{x}, \mathbf{r}_i^k) = \sum_{i=1}^L \sum_{\mathbf{x} \in S_i} d(\mathbf{x}, \mathbf{r}_i^k).$$

3. Sprawdź warunek zatrzymania:

$$\text{jeżeli } \frac{D^{k-1} - D^k}{D^k} < d_n \quad \text{to koniec algorytmu.}$$

4. Oblicz wartości wektorów kodowych dla nowego podziału (warunek centroidu):

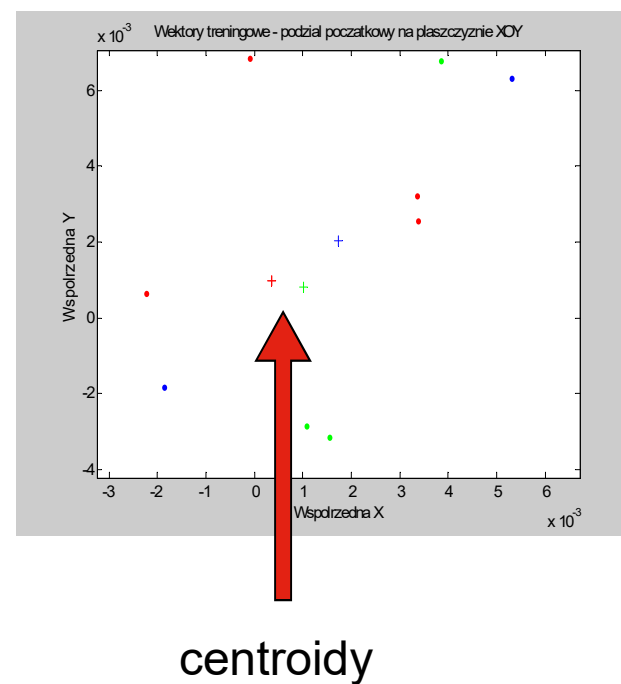
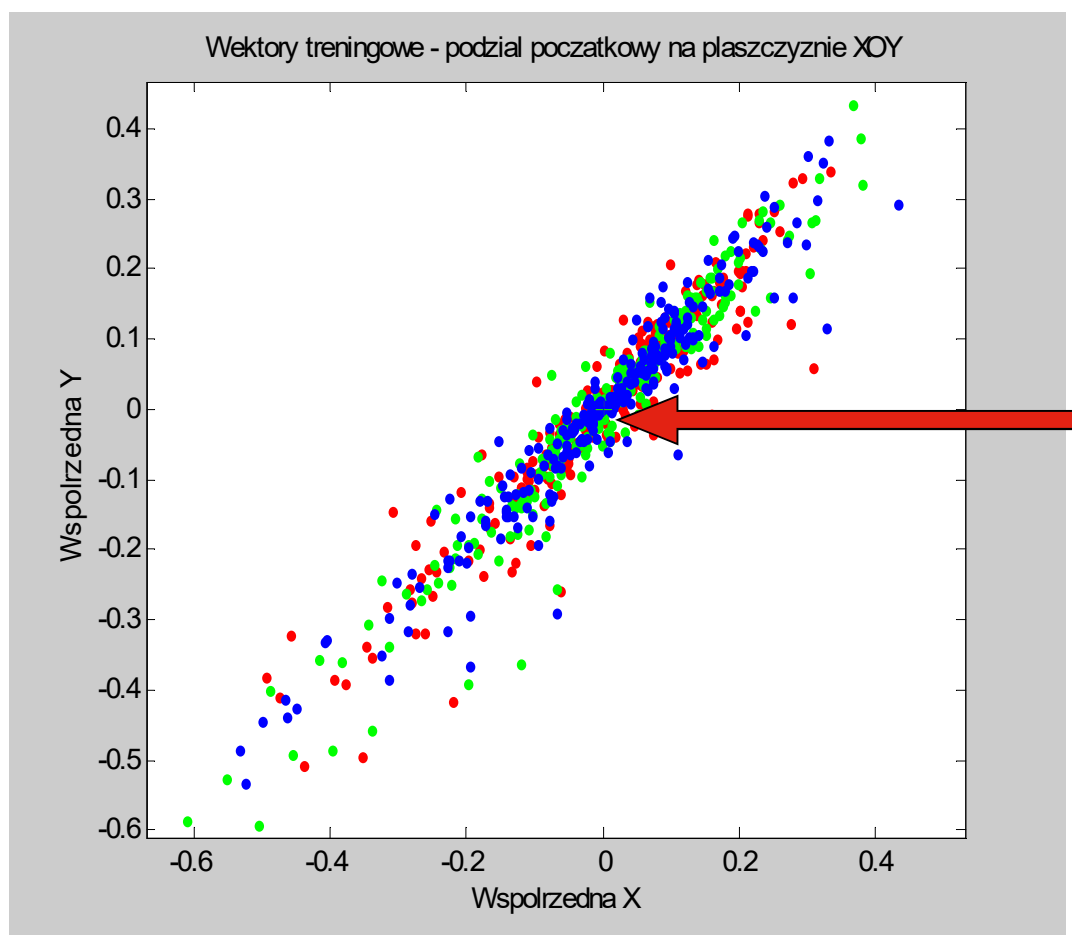
$$\{\mathbf{r}_i^k\}_{i=1,2,\dots,L} \quad (\text{np. } \mathbf{r}_i^k = \frac{1}{M_i} \sum_{s=1}^{M_i} \mathbf{x}_s \text{ dla NN})$$

będące nowymi centroidami komórek . Wróć do punktu 1.



Algorytm centroidów LBG, podział na 3 klasy (komórki) w oparciu o wektory treningowe

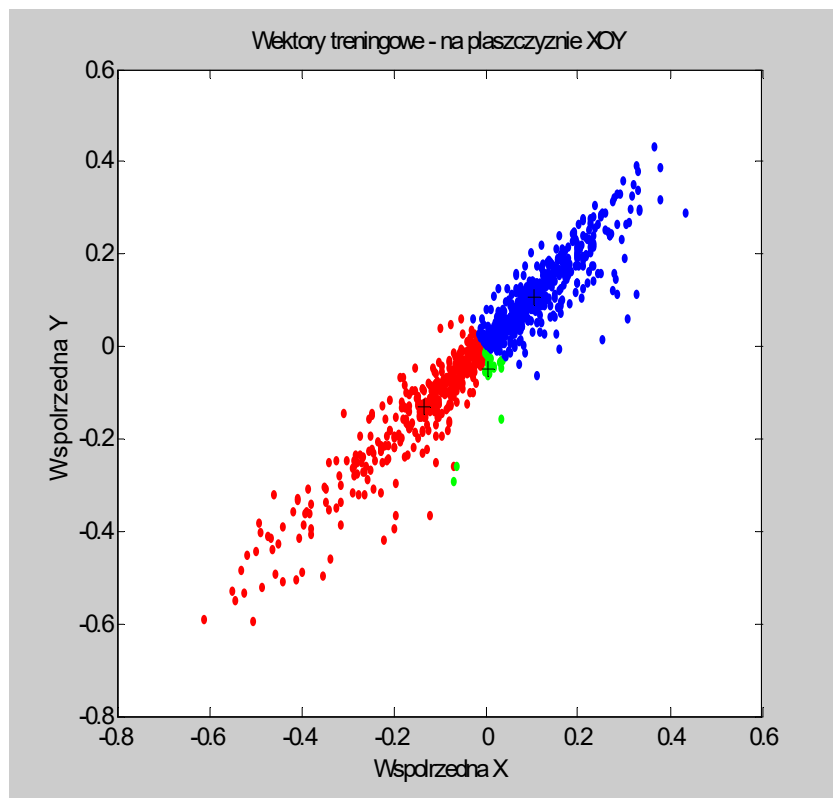
Inicjalizacja algorytmu – ilustracja wstępnego podziału wektorów



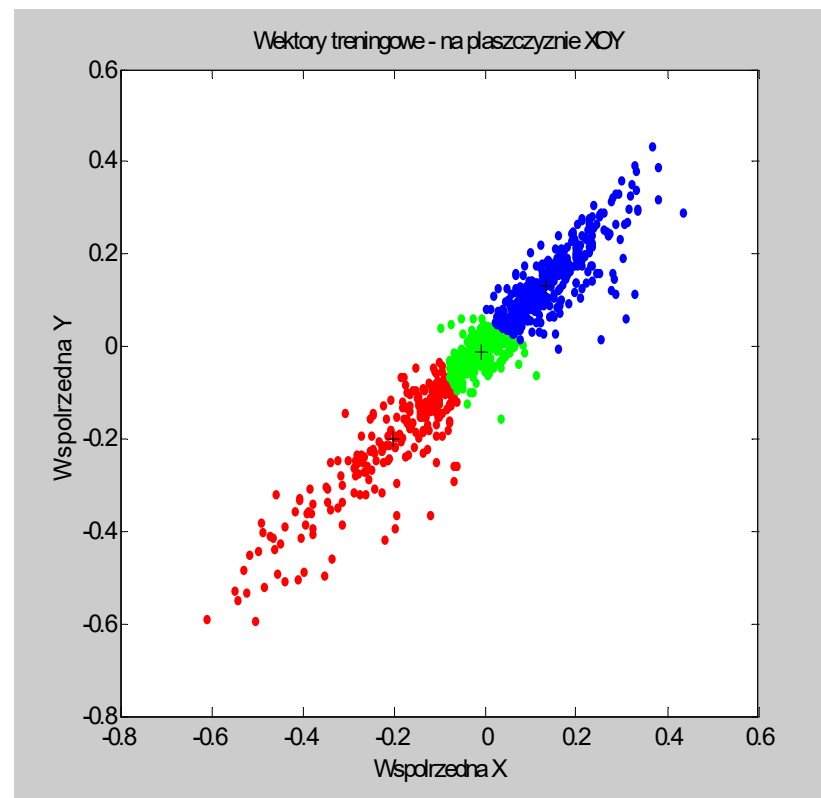


Algorytm centroidów LBG, podział na 3 klasy (komórki) w oparciu o wektory treningowe

iteracja k=1



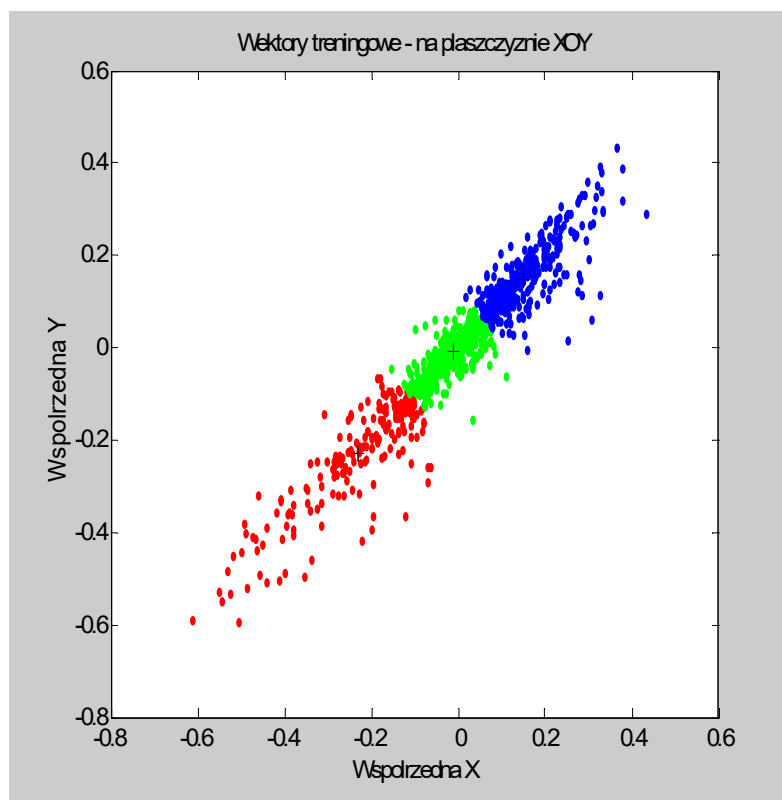
iteracja k=2



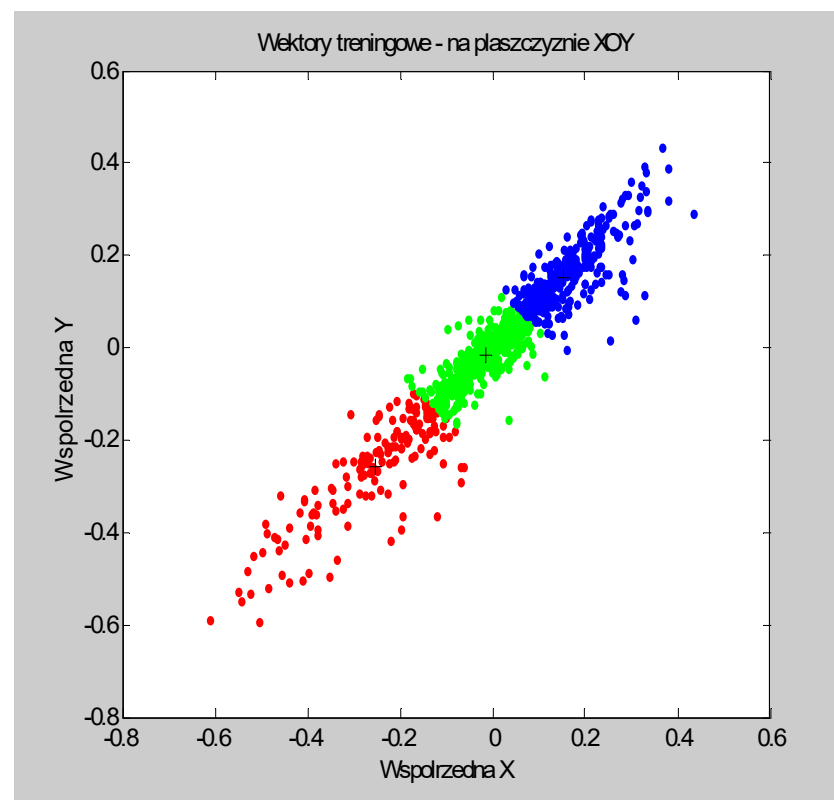


Algorytm centroidów LBG, podział na 3 klasy (komórki) w oparciu o wektory treningowe

iteracja k=3

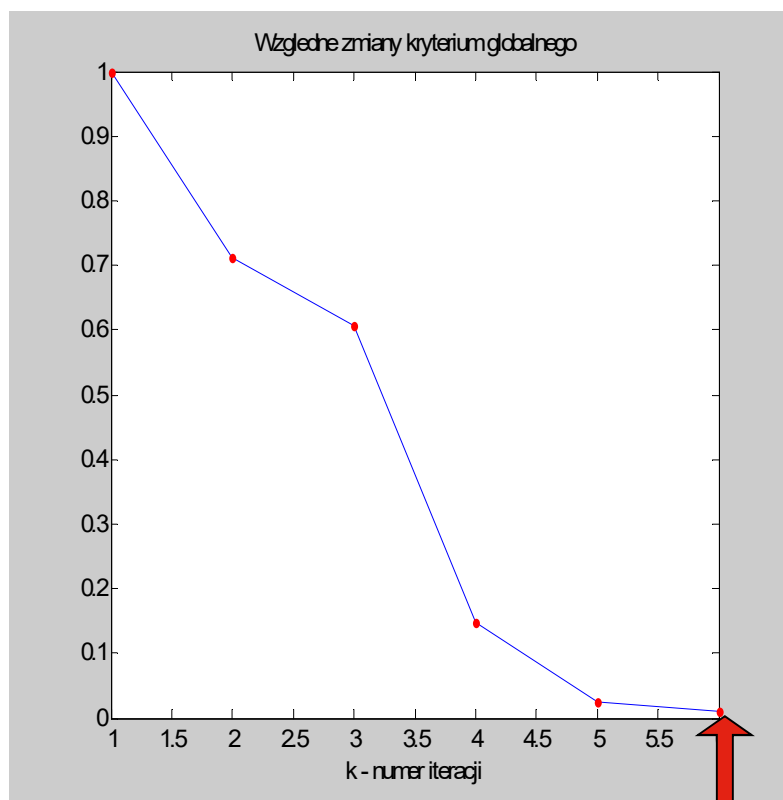


iteracja k=5

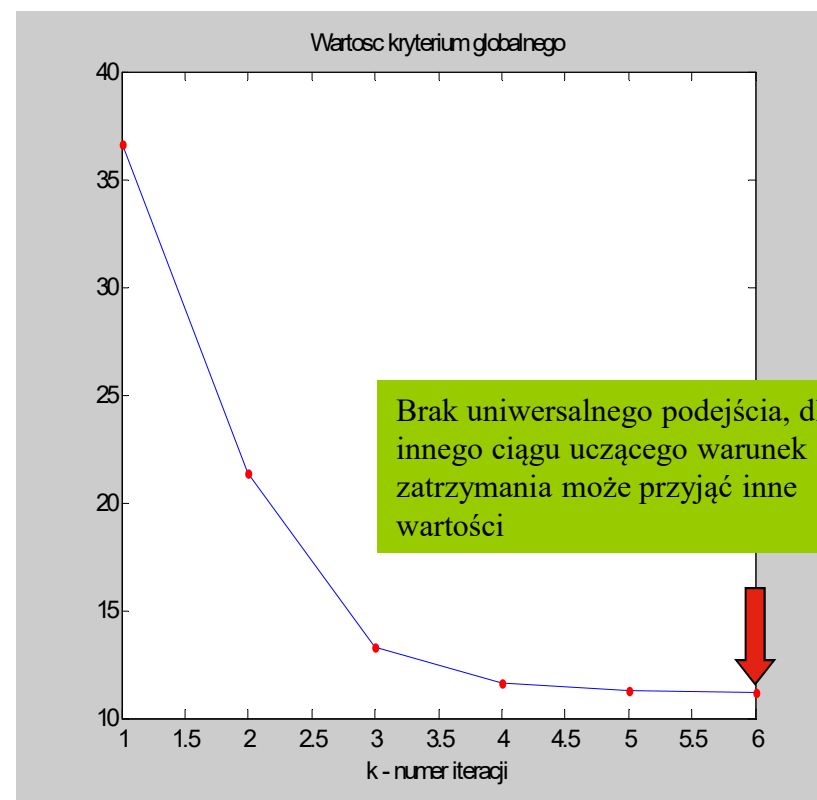




Algorytm centroidów LBG, podział na 3 klasy (komórki) w oparciu o wektory treningowe



osiągnięcie warunku zatrzymania



Brak uniwersalnego podejścia, dla innego ciągu uczącego warunek zatrzymania może przyjąć inne wartości



Kwantyzacja wektorowa w oparciu o strukturę drzewa - TS VQ (Tree Structured Vector Quantization)

Prezentowana do tej pory koncepcja kompresji w oparciu o kwantyzację wektorową wymaga, aby każdy wektor wejściowy został porównany z każdym elementem książki kodowej, a zatem pełnego przeszukania książki kodowej.

Metoda ta nosi nazwę FS-VQ (z angielskiego Full Search Vector Quantization). W przypadku L -elementowej książki kodowej w procesie wyszukiwania wektora kodowego wymagane jest wykonanie L obliczeń błędów pomiędzy wektorem wejściowym a wektorem kodowym.

Jednym ze sposobów redukcji złożoności obliczeniowej w kwantyzacji wektorowej jest zastosowanie w książce kodowej struktury drzewa wektorów decyzyjnych.

Kwantyzacja wektorowa w oparciu o strukturę drzewa nosi nazwę TS-VQ (Tree-Structured VQ).



Kwantyzacja wektorowa ze strukturą drzewa (TS VQ - Tree Structured VQ)

W metodzie TS VQ wyszukiwanie wektora kodowego dla wektora wejściowego przy pomocy *m*-drzewa (z pnia drzewa wyrasta *m* gałęzi) polega w każdym etapie (rozwidleniu) na porównaniu wektora wejściowego z *m* pomocniczymi wektorami testowymi.

Najbliższy wektor testowy, tj. taki którego odległość do wektora wejściowego jest najmniejsza, determinuje wybór gałęzi. Wybrana gałąź prowadzi do następnego etapu, czyli kolejnego *m-krotnego* porównania.

Końcowy wybór gałęzi prowadzi do wyboru konkretnego wektora kodowego.

Rozmiar książki kodowej (ilość wektorów decyzyjnych) w strukturze *m*-drzewa

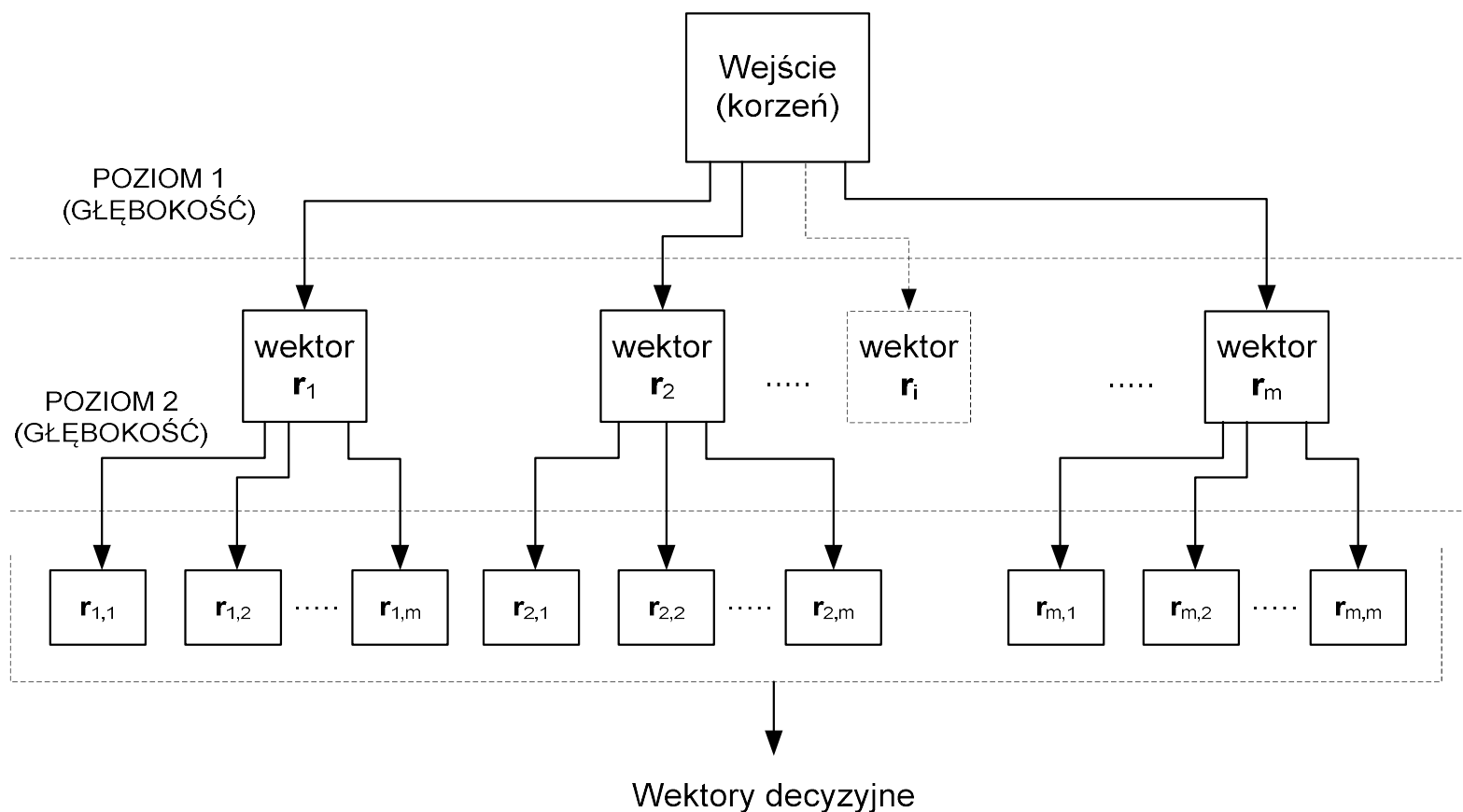
$$L = m^d,$$

gdzie *m* – ilość rozgałęzień (**szerokość drzewa**), *d* – ilość etapów lub poziomów (**głębokość drzewa**).



Kwantyzacja wektorowa w oparciu o strukturę m -drzewa

Drzewo o szerokości m i głębokości $d=2$





Tworzenie książki kodowej o strukturze drzewa

Tworzenie książki kodowej o strukturze drzewa:

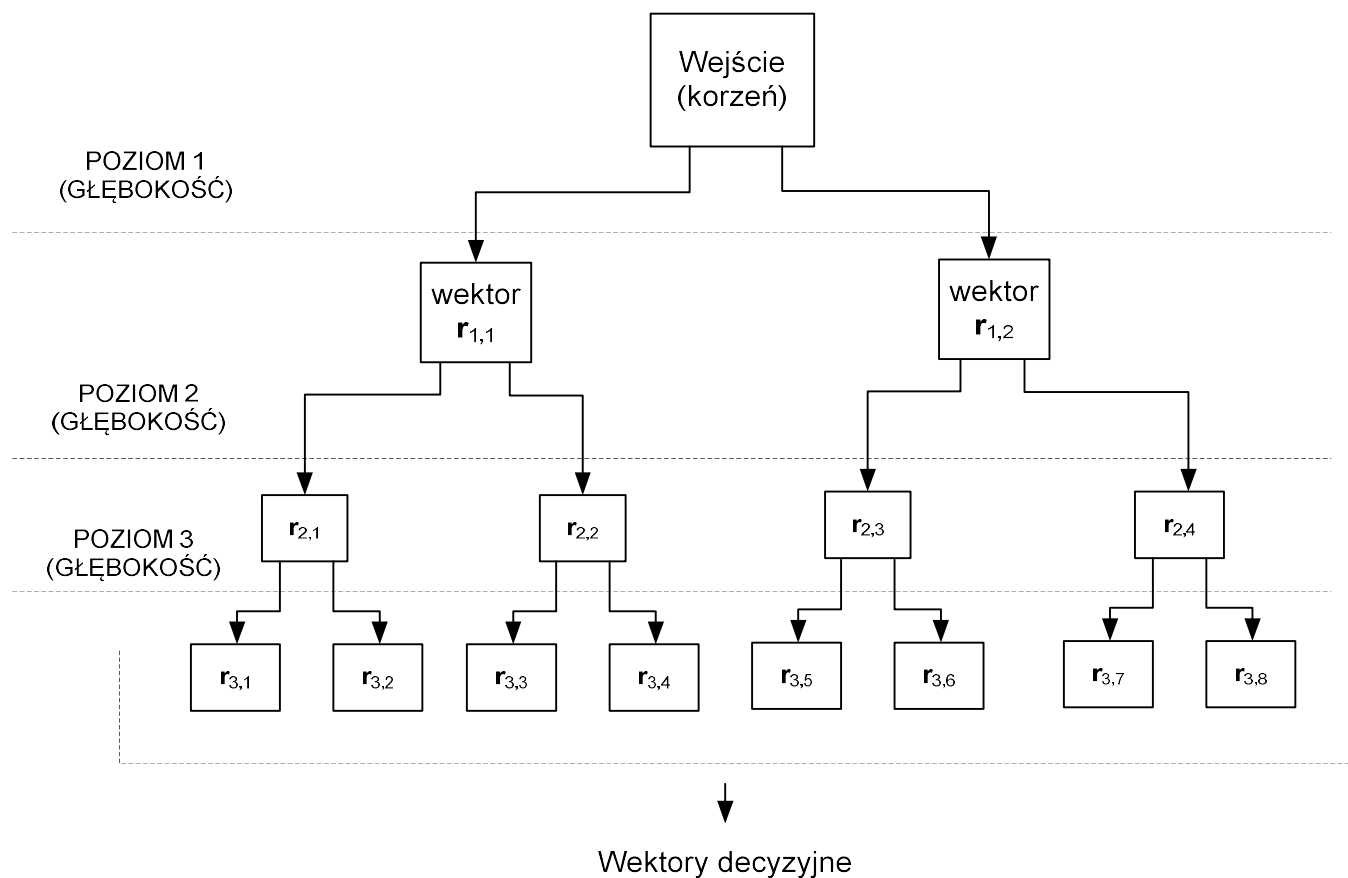
Inicjalizacja: zbiór wektorów treningowych X , szerokość drzewa m , głębokość d

1. Utwórz m -elementową książkę wektorów testowych przy pomocy algorytmu LBG dla zbioru wektorów treningowych X i podziel zbiór wektorów treningowych na m nowych podzbiorów.
2. Dla każdego nowo utworzonego zbioru wektorów treningowych utwórz m -elementową książkę wektorów testowych. Podziel zbiór wektorów treningowych na m -nowych podzbiorów.
3. Powtarzaj proces do momentu, gdy bieżący poziom osiągnie wartość d . Właściwą książkę kodową tworzą wszystkie wektory testowe na poziomie d .



Kwantyzacja wektorowa ze strukturą drzewa binarnego

Jedną z najbardziej popularnych kwantyzacji typu TS-VQ jest kwantyzacja przy szerokości $m=2$, czyli z **drzewem binarnym** wektorów.





Analiza ilości porównań przy zastosowaniu drzewa binarnego

Całkowita liczba porównań P w drzewie binarnym

Na każdym poziomie drzewa binarnego dokonujemy 2 porównań, z zatem dla d poziomów mamy:

$$P = 2d.$$

Biorąc pod uwagę fakt, iż liczba wektorów decyzyjnych na poziomie d w drzewie wyraża się zależnością;

$$L = 2^d \quad \text{stąd} \quad d = \log_2 L \quad \text{i ostatecznie możemy zapisać;}$$

$$P = 2d = 2 \log_2 L.$$

Przykładowo, już dla $L=1024=2^{10}$ widzimy znaczący spadek liczby porównań potrzebnych do wyboru najbliższego sąsiada i podjęcia decyzji:

$$P = 2d = 2 \cdot 10 = 20.$$



Całkowita ilość wektorów w drzewie binarnym

Całkowita liczba S wektorów w drzewie binarnym

Struktura drzewa binarnego wprowadza istotną zmianę wymagań odnośnie liczby porównań niezbędnych do podjęcia decyzji. Niestety takie podejście wymagania zwiększenia liczby wektorów w książce kodowej koderów.

Zauważmy zatem, że z każdym następnym poziomem w drzewie zwiększa się dwukrotnie ilość dostępnych wektorów, a zatem mamy tutaj do czynienia z sumą szeregu geometrycznego:

$$S = 2^1 + 2^2 + 2^3 + \dots + 2^d$$

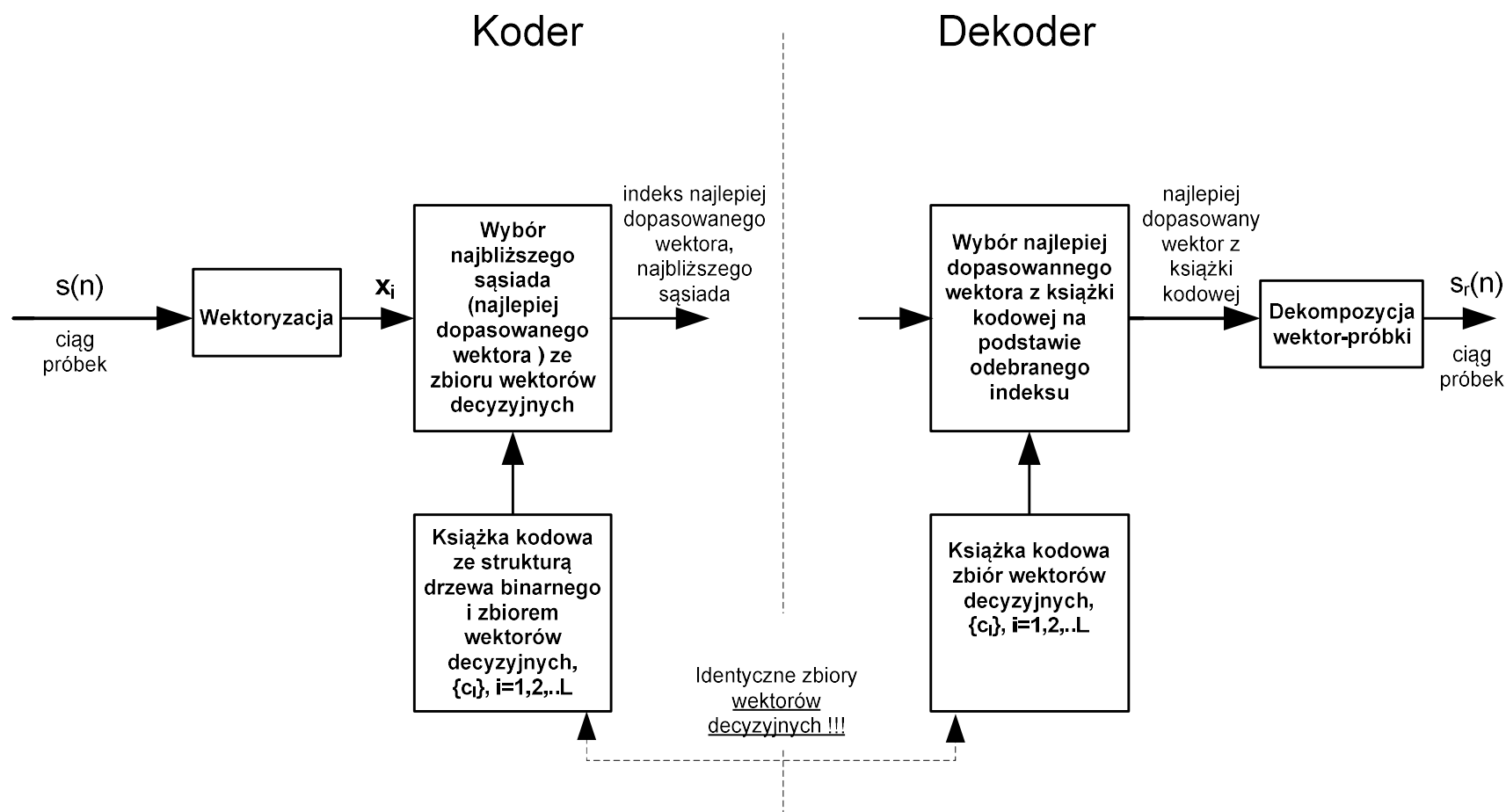
z pierwszym elementem $a_1=2$, ilorazem $q=2$ oraz ilością elementów d

$$S = a_1 \frac{1 - q^d}{1 - q} = 2 \frac{1 - 2^d}{1 - 2} = 2 \left(\underbrace{2^d}_L - 1 \right) = \underbrace{2(L - 1)}_{\uparrow}$$

prawie dwukrotny wzrost liczby wektorów !!!



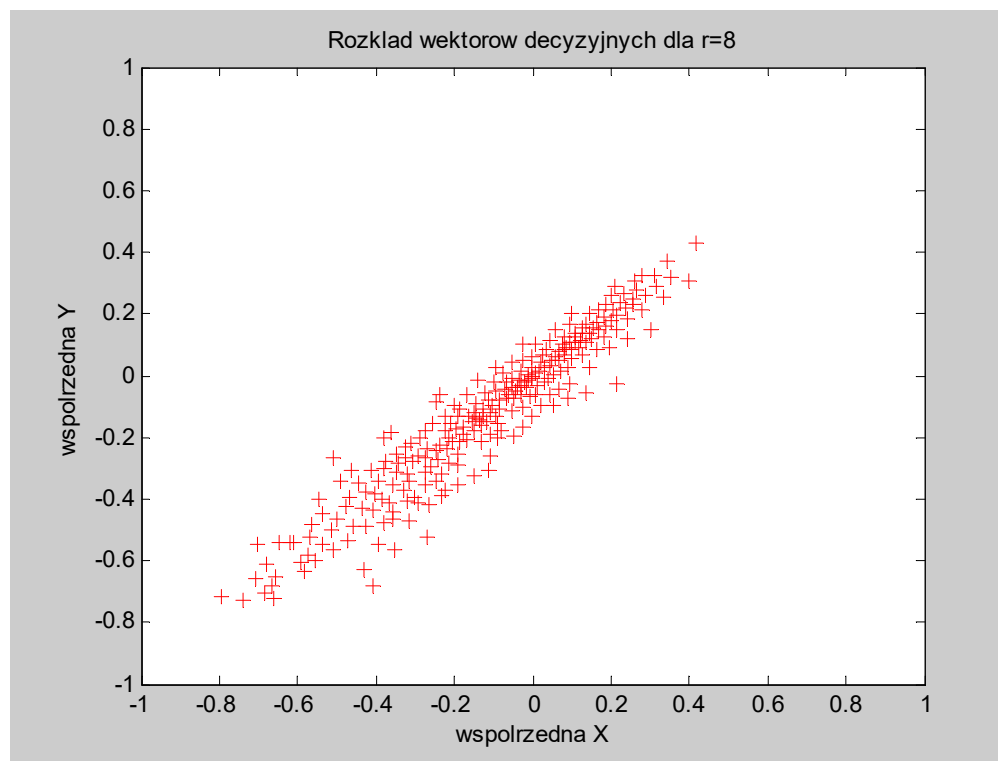
Kwantyzacja wektorowa – schemat dla kwantyzacji z wykorzystaniem struktury drzewa





Kwantyzacja wektorowa - eksperyment

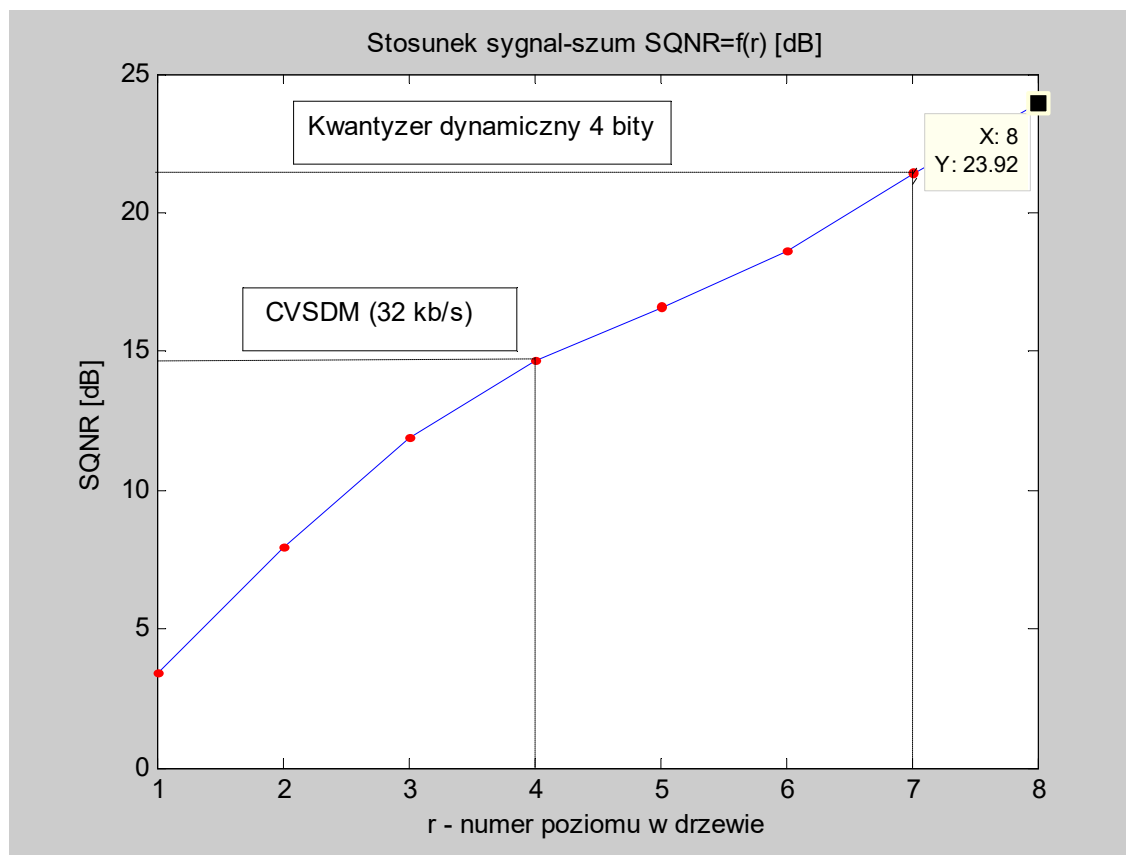
W oparciu o algorytm LBG utworzono binarne drzewo wektorów decyzyjnych dla $r=8$ poziomów ($L=2^r=256$) i $N=2$ (patrz rysunek poniżej). W efekcie, każdy z wektorów wejściowych składa się z 2 składowych (kolejnych 2 próbek sygnału wejściowego), z których każda jest zapisana na $R=12$ bitach.





Kwantyzacja wektorowa - eksperyment

W wyniku symulacji kwantyzera wektorowego (10000 wektorów wejściowych) otrzymano następującą charakterystykę zniekształceń $SQNR=f(r)$.





Kwantyzacja wektorowa - podsumowanie eksperymentu

Podsumowanie

1. Dla $r=8$ i $N=2$ mamy 4 bity na próbkę oraz $SQNR=24$ dB, co przy szybkości próbkowania na wejściu $f_s=8000$ próbek/s, implikuje szybkość transmisji na wyjściu kodera opartego na kwantyzacji wektorowej:

$$v_T = (f_s / 2) \cdot r = f_s (r / 2) = 8000 \text{ próbek} / s \cdot 4 \text{ bity} / \text{próbkę} = 32000 \text{ b} / s.$$

2. Dla $r=7$ mamy $SQNR=21$ dB (jakość dla kwantyzera dynamicznego, 4 bity i szybkość 32 kb/s), co przy $N=2$ daje 3.5 bita na próbkę i szybkość transmisji:

$$v_T = f_s \cdot \left(\frac{r}{2} \right) = 8000 \text{ próbek} / s \cdot 3.5 \text{ bita} / \text{próbkę} = 28000 \text{ b} / s.$$

3. Dla $r=4$ mamy $SQNR=14$ dB (jakość dla adaptacyjnej modulacji CVSDM z szybkością 32 kb/s), co przy $N=2$ daje 2 bity na próbkę i szybkość transmisji:

$$v_T = f_s \cdot (r/2) = 8000 \text{ próbek} / s \cdot 2 \text{ bity} / \text{próbkę} = 16000 \text{ b} / s.$$



Kwantyzacja wektorowa - podsumowanie eksperymentu

Podsumowanie

4. Z kolei, przy stałej szybkości transmisji 32 kb/s otrzymujemy:

Kodek ADPCM (4 bity) – poziom SQNR ok. 27.5 dB ($p=5$ czyli 16 mnożeń na próbkę);

Kwantyzacja wektorowa, $N=2$, $r=8$ – poziom SQNR ok. 24 dB; ($2r=16$ porównań na $N=2$ próbki, 8 porównań czyli 16 mnożeń na 1 próbkę);

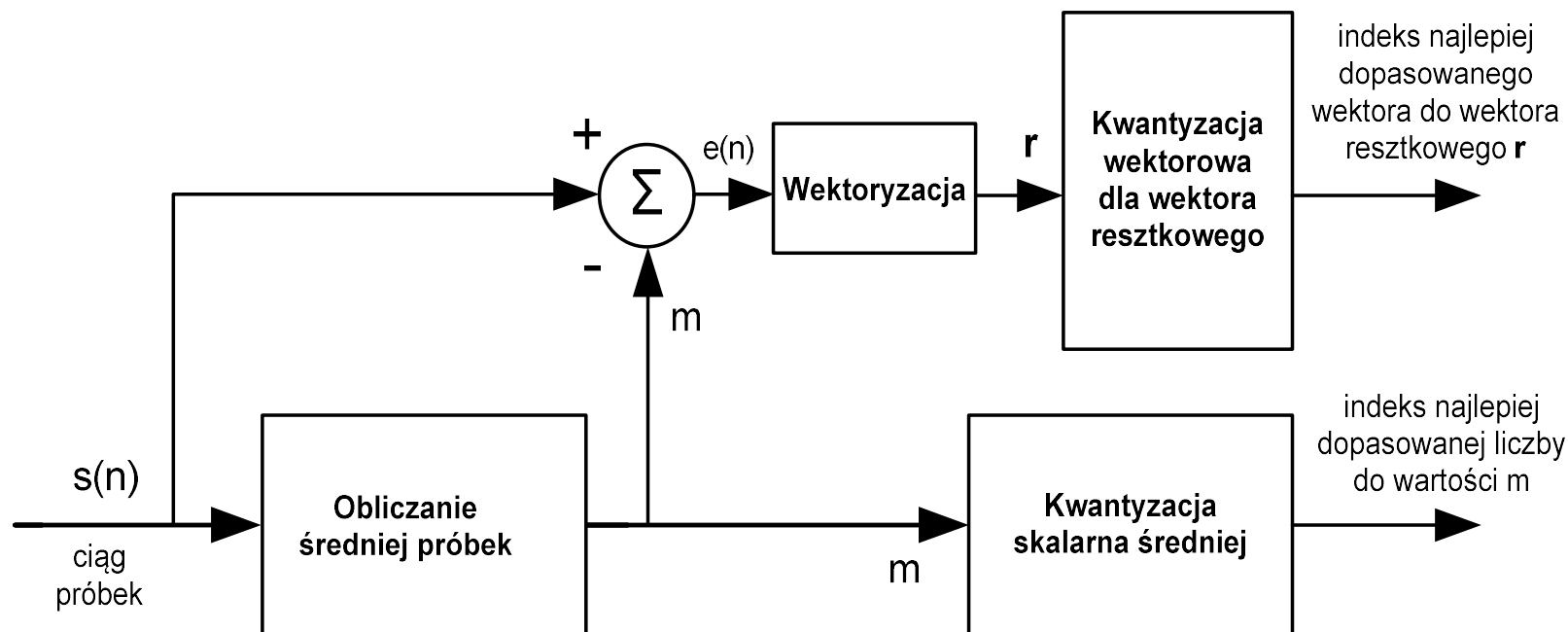
Kwantyzer dynamiczny 4 bitowy – poziom SQNR ok. 21 dB;

Koder CVSDM – poziom SQNR ok. 14 dB (niska złożoność obliczeniowa).



Kwantyzacja wektorowa z wydzieleniem średniej (MR VQ – Mean Removed VQ)

W przypadku grupowania próbek w wektory lokalna średnia składowych wektora zwykle nie jest równa zero. W konsekwencji, w przypadku kwantyzacji wektorowej usunięcie wartości średniej z wektora może prowadzić do efektywniejszej kwantyzacji.





Kwantyzacja wektorowa z wydzieleniem średniej (MR VQ – Mean Removed VQ)

Wartość średnią m ze współrzędnych wektora (bloku) o K współrzędnych można obliczyć w oparciu o zależność

$$m = \frac{1}{K} \sum_{i=0}^{K-1} s(n-i),$$

← średnia jest liczona dla
każdego bloku (wektora)
osobno

Po usunięciu średniej z próbek sygnału $s(n)$ otrzymuje się sygnał błędu $e(n)$

$$e(n-i) = s(n-i) - m,$$

z którego, w wyniku procesu wektoryzacji, tworzymy wektory resztkowe \mathbf{r}

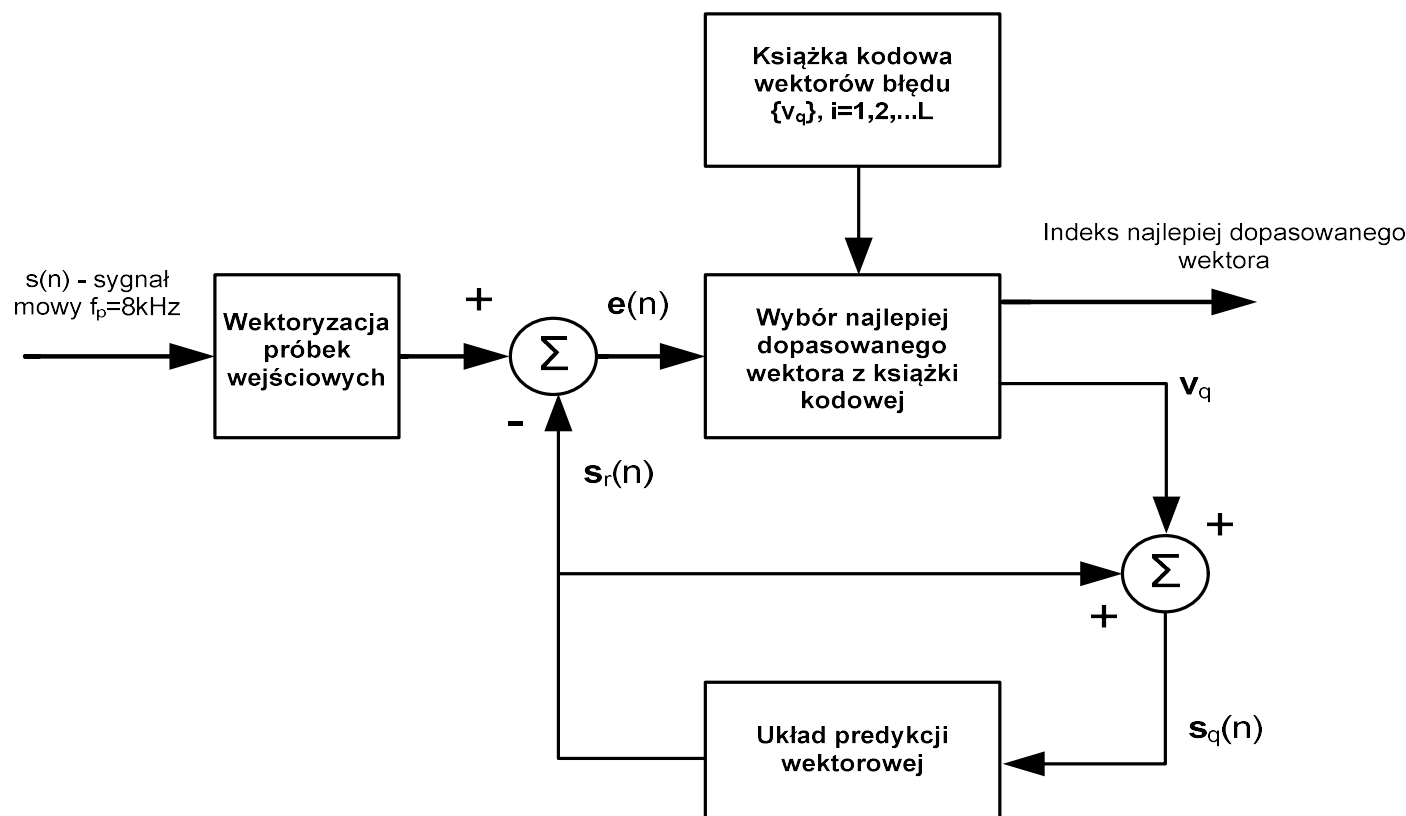
$$\mathbf{r} = [e(n) \quad e(n-1) \quad \dots \quad e(n-K+1)]^T.$$

W końcowej fazie kodowania wartość średnia m jest poddawana procesowi kwantyzacji skalarnej (lub różnicowej) natomiast wektor resztkowy \mathbf{r} kwantyzacji wektorowej.



Predykcyjna kwantyzacja wektorowa (PVQ – Predictive VQ) - koder

Predykcyjna kwantyzacja wektorowa (PVQ - Predictive VQ) jest rozszerzeniem różnicowej modulacji impulsowo-kodowej DPCM. Skalarny kwantyzator i układ predykcji zastąpiono ich odpowiednikami wektorowymi.

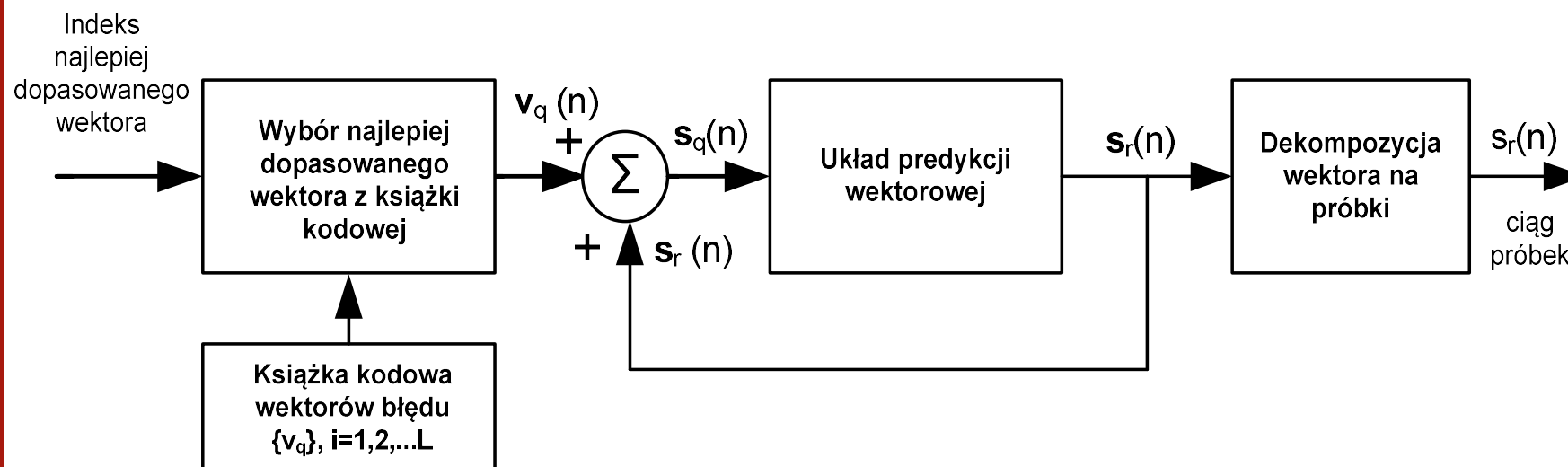




Predykcyjna kwantyzacja wektorowa (PVQ – Predictive VQ) - dekodery

Po stronie dekodera odtwarzany jest wektor błędu, który w układzie sumatora dodawany jest do predykowanego wektora.

W ten sposób powstaje wektor wyjściowy $s_r(n)$, który następnie służy do wyznaczania kolejnych takich wektorów.





Politechnika Wrocławska

Wykład dla II stopnia studiów Telekomunikacja



Grupowanie hierarchiczne

Grupowanie hierarchiczne (agglomerative hierarchical clustering)

W kroku 1 każdy z wektorów treningowych stanowi pojedynczą komórkę.

W każdym kolejnym kroku znajdujemy dwie najbliższe komórki S_i oraz S_j (zgodnie z wybraną miarą odległości – patrz następny slajd) a następnie łączymy je w jedną komórkę. Można pokazać, że taka strategia prowadzi do minimalizacji całkowitej wariancji, czyli kryterium globalnego D.

W efekcie, w każdym kroku zmniejszamy o 1 liczbę wszystkich komórek aż do uzyskania zadanej liczby komórek lub grup (bottom-up or clumping strategy).

Powyższy algorytm jest jedną z najpopularniejszych i najczęściej stosowanych w praktyce metod uczenia bez nadzoru.



Algorytmy grupowania hierarchicznego

Miary odległości pomiędzy komórkami

W literaturze można znaleźć następujące miary odległości pomiędzy 2 komórkami S_i oraz S_j :

algorytm minimum (najbliższy sąsiad):

$$d(S_i, S_j) = \min_{\mathbf{x} \in S_i, \hat{\mathbf{x}} \in S_j} d(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}),$$

algorytm maksimum (najdalszy sąsiad, najmniejszy wzrost rozrzutu danych po połączeniu komórek):

$$d(S_i, S_j) = \max_{\mathbf{x} \in S_i, \hat{\mathbf{x}} \in S_j} d(\mathbf{x}, \hat{\mathbf{x}}),$$

algorytm średniej:

$$d(S_i, S_j) = d(\mathbf{r}_i, \mathbf{r}_j).$$



Inne miary odległości pomiędzy komórkami

Miary odległości pomiędzy komórkami (zbiorami wektorów).

Odległość Mahalanobisa:

$$d_M(S_i, S_j) = (\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j)^T \mathbf{\Sigma}^{-1} (\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j).$$

$\mathbf{r}_i, \mathbf{r}_j$ - centroidy komórek S_i i S_j .

$\mathbf{\Sigma} = \frac{1}{n-2} ((n_1-1)\mathbf{\Sigma}_1 + (n_2-1)\mathbf{\Sigma}_2)$ - sumaryczna macierz kowariancji
(pooled estimator of covariance matrix)



Inne miary odległości pomiędzy komórkami

Odległość Bhattacharyya (miara odległości lub separowalności pomiędzy dwoma rozkładami lub komórkami):

$$d_B(S_i, S_j) = \underbrace{\frac{1}{4}(\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j)^T (\boldsymbol{\Sigma}_1 + \boldsymbol{\Sigma}_2)^{-1} (\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j)}_{\text{separowalność związana z różnicą wartości średnich rozkładów (centroidów)}} + \underbrace{\frac{1}{2} \log \left(\frac{|\boldsymbol{\Sigma}_1 + \boldsymbol{\Sigma}_2|}{2\sqrt{|\boldsymbol{\Sigma}_1 \boldsymbol{\Sigma}_2|}} \right)}_{\text{separowalność związana z różnicą pomiędzy macierzami kowariancji}}.$$

separowalność związana z różnicą wartości
średnich rozkładów (centroidów)

separowalność związana z różnicą
pomiędzy macierzami kowariancji

$\mathbf{r}_i, \mathbf{r}_j$ - wartości średnie rozkładów (centroidy komórek) S_i i S_j ;

$\boldsymbol{\Sigma}_i, \boldsymbol{\Sigma}_j$ - macierze kowariancji dla rozkładów (komórek) S_i i S_j .



Inne miary odległości pomiędzy komórkami

Odległość Hellingera:

$$d_H(S_i, S_j) = 1 - \exp(-d_B(S_i, S_j)).$$

 odległość Bhattacharyya

Odległość GLR (Generalized Likelihood Ratio):

$$d_{GLR}(S_i, S_j) = -\log(\lambda_\mu \lambda_\Sigma),$$

← test dla hipotezy o
przynależności komórek
do tego samego modelu

gdzie:

$$\lambda_\Sigma = \left(\frac{|\Sigma_1|^\alpha |\Sigma_2|^{1-\alpha}}{|\Sigma|} \right)^\beta, \quad \alpha = \frac{n_1}{n_1 + n_2}, \quad \beta = \frac{n_1 + n_2}{2},$$

$$\lambda_\mu = \left(1 + \frac{n_1 n_2}{(n_1 + n_2)^2} (\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j)^T \Sigma^{-1} (\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j) \right)^{-\beta}.$$



Grupowanie bez nadzoru przy nieznanej liczbie K komórek – kryterium BIC

Dekompozycja zadania grupowania i wybór właściwej ilości grup na podstawie kryterium BIC (Bayesian Information Metric) związanych z teorią informacji:

$$BIC(M) = \log L(S/M) - \frac{\lambda}{2} k \log(n)$$

Diagram illustrating the components of the BIC formula:

- $BIC(M)$: Miara dopasowania wektorów z komórki S do modelu M (indicated by an upward arrow).
- $\log L(S/M)$: Funkcja podobieństwa (likelihood function) wektorów z komórki S do danego modelu M – miara dopasowania danych do modelu M (indicated by an upward arrow).
- $\frac{\lambda}{2}$: Parametr projektowy (współczynnik kary) (indicated by a leftward arrow).
- k : Liczba wolnych parametrów w modelu M (indicated by an upward arrow).
- $\log(n)$: Liczba wektorów w komórce S (długość zbioru danych) (indicated by a downward arrow).



Grupowanie przy nieznanej liczbie komórek – kryterium BIC

Dla modeli gaussowskich dla komórek S_i i S_j otrzymujemy:

$$\Delta BIC(S_i, S_j / M) = BIC(S_i / M) - BIC(S_j / M) =$$



Miara odległości
pomiędzy komórkami
(różnica w ich
dopasowaniu się do
modelu M)

$$= n \log \Sigma - n_i \log \Sigma_i - n_j \log \Sigma_j - \lambda \frac{1}{2} d \left(1 + \frac{1}{2} (d + 1)\right) \log n,$$

gdzie d jest wymiarem pojedynczego wektora z rozpatrywanych komórek.



Politechnika Wroclawska





Politechnika Wroclawska

