

Unsupervised super-resolution reconstruction of hyperspectral histology images for whole-slide imaging

Ling Ma^{a,b}, Armand Rathgeb^a, Hasan Mubarak^a, Minh Tran^a and Baowei Fei

摘要

高光谱成像 (HSI) 为改进组织病理学癌症检测提供了丰富的光谱信息。然而, 获取高分辨率 HSI 数据进行全玻片成像 (WSI) 可能非常耗时, 并且需要大量的存储空间。使用彩色相机进行 WSI, 由于现有的技术, 速度快, 图像分辨率高, 图像质量好。我们的目标是开发一种 rgb 引导的无监督超光谱超分辨率重建方法, 在保持光谱特征的同时提高图像质量。通过自动 WSI 获得 32 张组织学切片的高分辨率高光谱图像。将高分辨率 RGB 组织学图像配准到高光谱图像上进行 RGB 引导。训练无监督超分辨率网络, 以低采样的低分辨率高光谱斑块 (LR-HSI) 和高分辨率 RGB 斑块 (HR-RGB) 为输入重建高分辨率高光谱斑块 (HR-HSI)。然后, 分别用 HR-RGB、原始 HR-HSI 和生成 HR-HSI 训练基于 inception 的网络, 用于全玻片组织病理学癌症检测。我们的超分辨率重建网络生成的高分辨率高光谱图像具有良好的光谱特征, 并提高了图像质量。利用原始高光谱数据进行图像分类, 由于额外的光谱信息, 分类效果优于 RGB。生成的高光谱图像斑块进一步改善了结果。所提出的方法潜在地减少了图像采集时间, 在不影响图像质量的情况下节省了存储空间, 并提高了图像分类性能。

关键词: 高光谱成像; 超分辨率重建; 无监督; RGB 指导; 图像分类

1 引言

计算机辅助病理学 (CAP) 是一个活跃的研究领域, 其目的是提高病理诊断的再现性和客观性, 节省常规检查的时间^[1]。机器学习技术, 特别是深度学习模型, 在 CAP^[2]中发挥了重要作用。基于深度学习的全玻片数字化组织学图像癌症检测的各种研究已经展开, 大多数研究都是在 RGB 图像中进行的。高光谱成像 (HSI) 是医学成像领域出现的一种非接触、无标签的成像方式。它捕获成像组织的空间和光谱信息, 以单一的图像模态揭示化学成分和形态特征, 从而提供更多的精细特征, 这些特征可能对图像分割和分类有用。研究已经证明 HSI 在显微镜应用中的有用性^[3-4]。该技术的一个有前途的应用是使用 HSI 进行全玻片成像 (WSI) 来辅助组织样本的组织病理学癌症检测, 因为 HSI 不仅提供了玻片的可重复性和定量诊断, 而且与 RGB^[3,5]相比提高了分类结果。尽管组织学样品制备过程中的固定和包埋等不同步骤可能会改变一些组织特征, 如质地和含水量, 但许多重要分子如蛋白质被保存在组织载玻片中。这些分子成分的光吸收、散射和自身荧光都有助于高光谱组织学图像的光谱特征^[6-7], 它提供了与传统的总体反射率 HSI 不同的视角。即使对于染料, HSI 也可以将三通道颜色信息扩展到更宽的光谱维度, 这可能会增加分辨能力。Nakaya et al^[8-9] 使用支持向量机分类器和从高光谱图像中提取的核的平均光谱进行结肠癌检测。Ishikawa 等提出了一种基于染色光谱的组织病理学切片高光谱分析模式识别方法, 对组织病理学高光谱图像的光谱进行处理, 用于胰腺肿瘤核的检测。Ortega^[3]等人在高光谱组织学图像中实现了乳腺癌细胞的自动检测, 平均检测 AUC 为 0.90。HSI 和 RGB 的分类结果比较表明, HSI 的分类效果优于 RGB。我们之前的研究探讨了 HSI 在组织学切片中检测头颈部

鳞状细胞癌 (SCC) 核的可行性和实用性。^[10-11] HSI、HSI 合成的 RGB 和 RGB 之间的比较表明, HSI 额外的光谱信息可以改善结果。我们还研究了全图像组织病理学癌症检测, 并证明了使用 HSI 用于头颈部癌症的优势。在真实的临床情况下应用高光谱显微镜有一些困难。首先, 高光谱图像文件的大小很大。例如, 单精度保存一幅尺寸为 3600 像素 \times 2048 像素 \times 150 波段的高光谱图像, 大约需要 4gb 的存储空间。在低倍率下获得的全幻灯片高光谱图像很容易超过 100gb。在一些应用中, 如血液学, 需要高倍放大, 这可能会给数据存储设备带来极大的负担。目前数据存储的局限性导致难以建立全面的高光谱显微数据集, 这对于深入研究深度学习方法至关重要。其次, 高光谱图像的获取非常耗时^[5,12]。大多数高光谱显微镜研究使用扫帚或光谱扫描系统来获得足够的光谱和空间分辨率。每张图像的扫描过程可能需要几秒钟, 这大大增加了整张幻灯片图像的采集时间。虽然快照高光谱相机加快了采集速度, 但其固有的低空间分辨率无法满足某些需要看到载玻片中精细结构的应用要求。第三, 与彩色相机相比, 高光谱相机更难实现自动对焦。在组织学切片扫描过程中, 切片厚度的改变会导致图像不聚焦, 不同层的细胞成分会变得模糊。最先进的显微镜和全切片扫描仪与自动聚焦和扩展焦成像 (EFI) 算法集成, 以解决这些问题; 它们是基于沿着 Z 轴采集的一堆 RGB 图像。例如, 在图 1(a) 和 (b) 中, 绿色和蓝色箭头指向两个区域, 不同厚度的组织不能同时聚焦。采用 EFI 算法, 在不同 Z 位置获取一组图像, 然后将图像进行平化, 得到均匀聚焦的图像, 如图 1(c) 所示。虽然这种图像增强算法可以应用于 HSI, 但它将进一步大大延长扫描时间。最后, 高光谱图像中的一些波段, 特别是前几个波段和后几个波段, 由于灵敏度低, 可能会有大量的噪声。不满意的焦点和噪声都会导致图像质量较低, 缺少空间细节, 即高频信息, 如图 1(d) -1 (f) 所示。

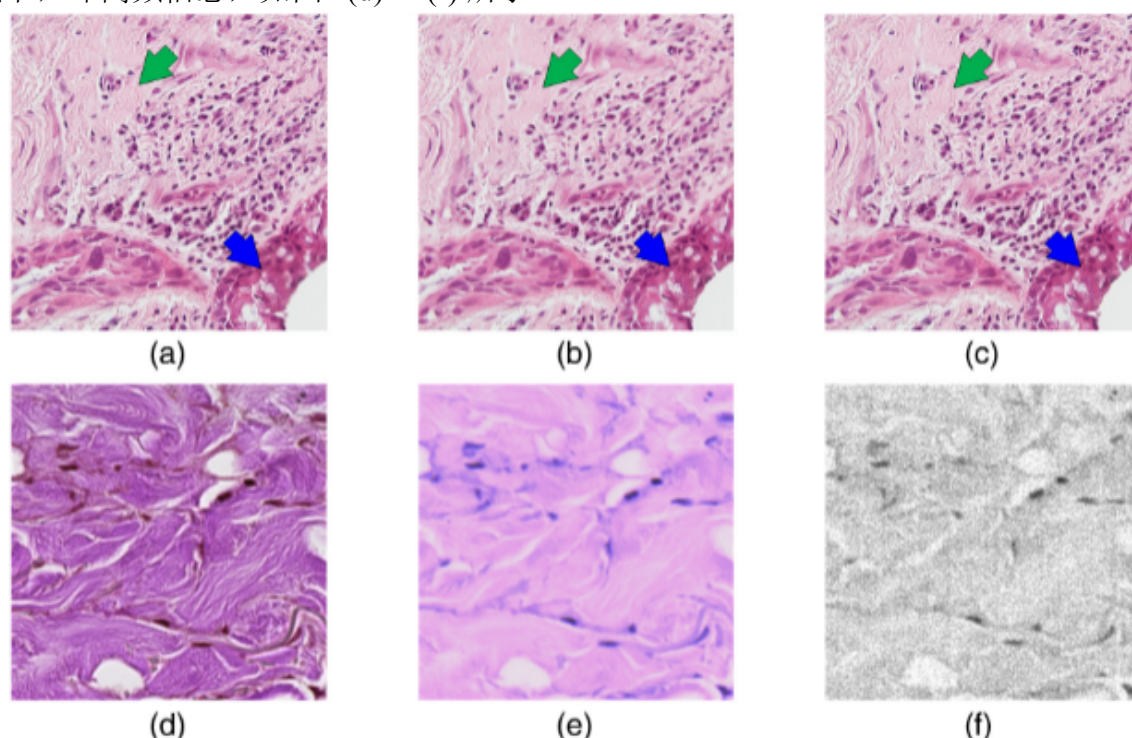


图 1: 高光谱图像低质量的发生率。(a) 和 (b) 两张图像显示了同一图像中不同厚度的组织如何不能同时聚焦。(c) 采用集成先进显微镜的 EFI 功能获取的 RGB 组织学图像。(d) 高分辨率甲状腺切片数字组织学图像, 图像质量高。(e) hss 合成了与 (d) 相同区域的 RGB 图像, 但由于在没有自动对焦的情况下, 玻片扫描时对焦不满意, 对比度较低。(f) 来自与 (d) 相同区域的高光谱图像的第一个波段, 由于灵敏度低, 有很多噪声。

另一方面, 彩色相机整片扫描在病理学领域已成为常规。用高质量彩色相机获得的数字组织学图像具有非常高的图像分辨率和对比度。利用这些优势特征与 HSI 潜在地提高了高光谱图像的图像质

量。高光谱图像超分辨率重建,也称为 HSI pansharpening 或 HSI 空间分辨率增强,是一种利用高分辨率全色图像 (PAN) 中的空间信息和低分辨率光谱图像中的颜色信息生成高分辨率光谱图像的技术。与旨在提高成像系统光学分辨率的“超分辨率成像”概念不同,超分辨率图像重建利用各种数字图像处理技术,生成比原始图像分辨率更高的图像。它主要是为遥感应用而开发的。以前提出的 HSI 超分辨率重建方法,如分量替换、多分辨率分析、混合方法和基于模型的方法,要么导致光谱失真,产生模糊的结果,要么增加实现的复杂性。近年来,深度学习算法被用于高光谱图像的超分辨率重建。Masi 等采用了一种名为 PNN 的三层卷积神经网络 (CNN),从插值的低分辨率多光谱图像和高分辨率 PAN 的堆栈中重建高分辨率多光谱图像。然而,由于网络结构较浅,学习能力有限。Yang 等人提出了一种基于 resnet 的架构,名为 PanNet,由于使用高通滤波器,该架构没有充分利用空间信息。Yao 等人使用 U-Net 实现了高光谱泛锐化的像素回归。Zheng 等人开发了一个两部分框架,首先通过对比度限制自适应直方图均衡化提高高光谱图像的空间分辨率,然后使用深度残差神经网络进一步提高融合精度。由于许多显微镜和全载玻片扫描仪可以拥有多个共享同一视场的相机,因此将超分辨率重建技术应用于高光谱显微镜和 WSI 是可行的。考虑到易获取和广泛使用高分辨率 RGB 组织学图像,我们建议使用高分辨率 RGB 图像来指导高分辨率高光谱图像的超分辨率重建。Dey 等人采用线性退化模型对苏木精和伊红 (H&E) 染色的组织学图像进行超分辨成像质谱分析,忽略了光谱响应的非线性,导致图像略有噪声。Jiang 等使用矩阵分解方法融合了用推扫相机获取的高分辨率 RGB 组织学图像和低分辨率高光谱显微图像,但该方法仅在 $3\times$ 和 $4\times$ 的空间增强尺度上进行了测试。此外,这些研究都没有研究深度学习算法。尽管提出了各种各样的超分辨率遥感重建模型,但大多数都是基于监督学习方法。利用该技术,重建的高分辨率高光谱图像可以继承参考高光谱图像的噪声。此外,之前许多研究的目标都是重建尽可能接近真实高分辨率光谱图像的图像,但如果我们可以生成图像质量提高的图像呢?理想情况下,高光谱显微图像的超分辨率重建应充分利用数字组织学图像的优良图像质量,同时保持对图像分类至关重要的光谱特征。因此,在这项工作中,我们开发了一个简单而有效的无监督超分辨率重建网络,融合了来自高分辨率 RGB 图像的空间信息和来自低分辨率高光谱图像的光谱信息。该方法可以节省高光谱图像的采集时间和存储空间,弥补高光谱图像中某些波段质量较低的问题,从而促进 HSI 在 WSI 和组织病理癌症自动检测中的应用。

2 相关工作

需要提前说明的是:本次复现内容并没有采用医学管道癌病理数据集,进行癌细胞分类;相反,我们使用同样处理高光谱数据的思想,采用深圳大学高光谱数据,进行细粒度树种分类。

2.1 组织切片和高光谱数据采集

在这项工作中,我们使用了 16 例头颈部鳞状细胞癌患者的 32 例 h&e 染色组织学切片。每个切片来自肿瘤组织 (T) 或正常组织 (N),经委员会认证的病理学家确认并注释。在常规手术中切除组织,然后对标本进行墨迹、福尔马林固定和石蜡包埋。用切片机取每个标本的顶部切片,用 H&E 染色。玻片制备后立即用 $40\times$ 物镜全玻片扫描仪获得高分辨率数字组织学图像。

对于高光谱图像的获取,我们使用了在我们之前的工作中报道过的高光谱显微成像系统来扫描幻灯片。高光谱图像尺寸为 $2000 \text{ 像素} \times 2000 \text{ 像素} \times 87 \text{ 个波段}$,波长范围为 $470 \text{ } 720 \text{ nm}$ 。在 10 倍放大

物镜下，高光谱相机的视场约为 $1113 \mu\text{m} \times 1113 \mu\text{m}$ 。机动工作台沿水平和垂直方向自动移动载玻片，步长为 1mm ，每一步采集一幅图像。两幅相邻图像的重叠面积约为 $113 \mu\text{m}$ 宽 (203 像素)。在自动扫描幻灯片的过程中，高光谱相机总是在舞台运动后等待几秒钟才开始图像采集，我们有足够的时间在不中断扫描的情况下手动调节微调对焦旋钮对相机进行对焦。图 2 显示了整个组织学切片的扫描示意图。图中每个方格表示一幅空间大小为 2000×2000 像素的高光谱图像，每两幅相邻图像重叠 203 像素，扫描步长为 1mm 。

2.2 数据预处理

扫描每张载片前，在载片空白区域获得一幅白色参考高光谱图像，相机在关闭快门的情况下自动获取一幅暗电流图像。然后，将每一张原始高光谱图像分别与白色参考图像和暗电流图像进行校准，得到组织的透过率：

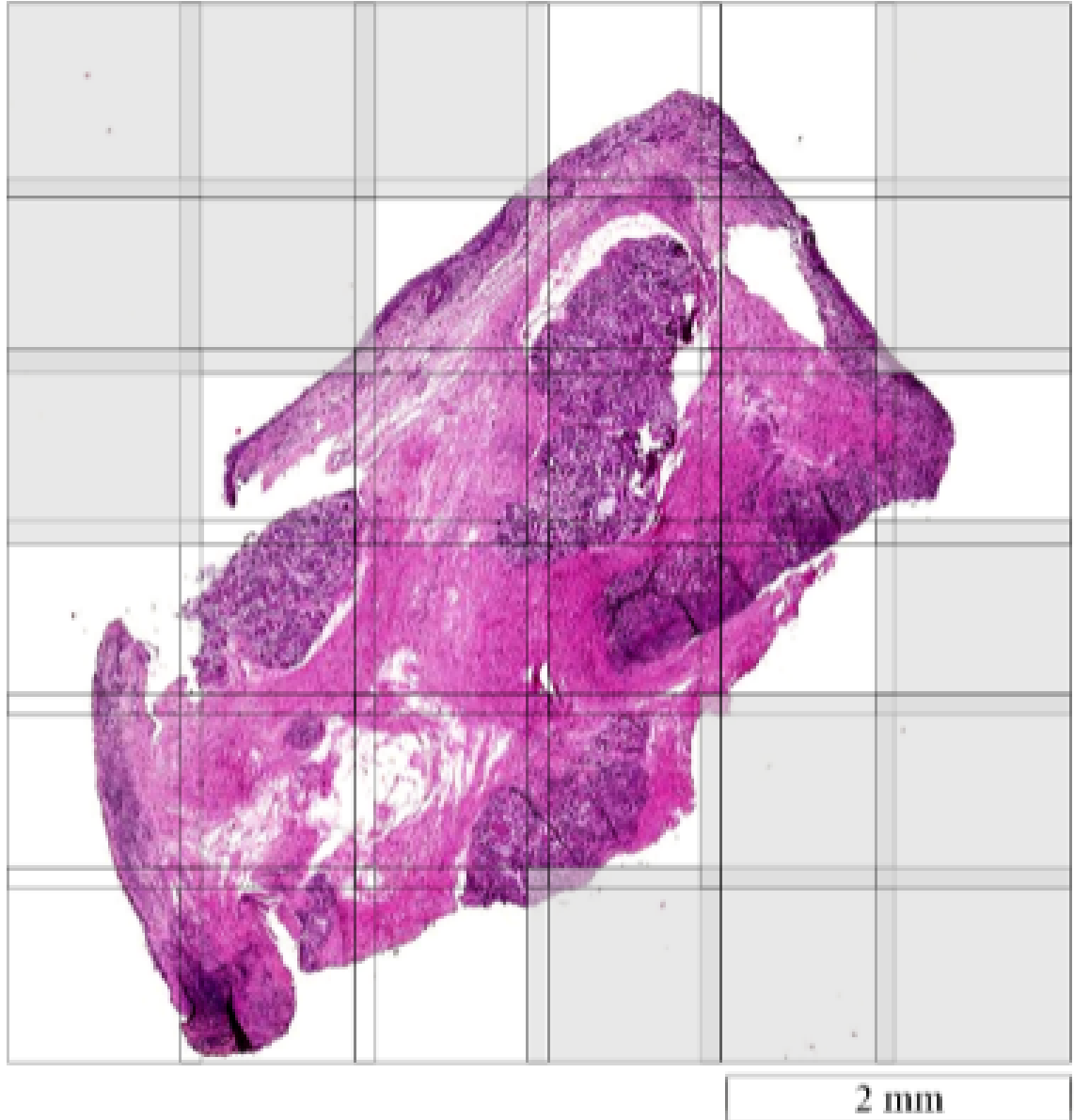


图 2: 整片扫描，步长为 1mm 。灰色网格是没有获得图像的位置，因为 FOV 中检测到的组织极少。

$$Transmittance(\lambda) = \frac{I_{Raw}(\lambda) - I_{Dark}(\lambda)}{I_{White}(\lambda) - I_{Dark}(\lambda)} \quad (1)$$

其中 $Transmittance(\lambda)$ 为波长相关的透过率; $I_{Raw}(\lambda)$ 为原始高光谱图像中波长 λ 的强度值; $I_{white}(\lambda)$ 和 $I_{Dark}(\lambda)$ 分别为白色参考电流和暗电流图像中波长 λ 的强度值。对于每个校准的高光谱图像，我们

使用定制的 HSI-to-RGB 转换⁵ 合成了一个 RGB 图像，并通过计算所有 87 个波段的平均值合成了一个灰度图像。生成 hsi 合成的 RGB 图像是为了更好地显示高光谱图像的视场，但不用于任何网络的训练或验证。由于配准算法无法直接应用于 87 波段的高光谱图像，因此后来将灰度图像用于图像配准。用于指导超分辨率重建的高分辨率 RGB 图像来自数字组织学图像，如前一节所述，这些图像最初是用 40 倍客观放大的全片扫描仪成像的。我们查看每一张 hsi 合成的 RGB 图像，在整张幻灯片数字组织学图像中找到相应的区域，并裁剪出视场比 hsi 合成的 RGB 图像稍大的高分辨率 RGB 图像。然后，使用 OpenCV 包中的定向 FAST 和旋转 BRIEF (ORB) 特征检测器³⁵ 进行仿射配准，将所有高分辨率 RGB 图像配准到与其匹配的高光谱图像 (平均灰度图像)，并将其调整为 2000×2000 像素的空间大小。配准实现了高分辨率 RGB 图像与高分辨率高光谱图像之间的像素-像素对齐。然后，使用 200×200 像素的滑动窗口，步长为 100 像素，将高光谱图像和 RGB 图像裁剪成 361 个补丁。从数据集中去除组织小 (小于整个补丁面积的 50%) 的图像补丁。由高光谱图像和共配准的 RGB 图像生成的斑块被称为高分辨率高光谱斑块 (HR-HSI) 和高分辨率 RGB 斑块 (HRRGB)。然后，使用“盒”(平均)插值核分别对所有 HR-HSI 进行 2、4、5、8 和 10 倍的下采样，为 5 种不同的超分辨率重建网络生成低分辨率高光谱斑块 (LR-HSI)。T 片和 N 片的所有图像补丁根据所取自的切片标记为“1”代表肿瘤，“0”代表正常。图 3 显示了一些不同解剖结构的图像补丁

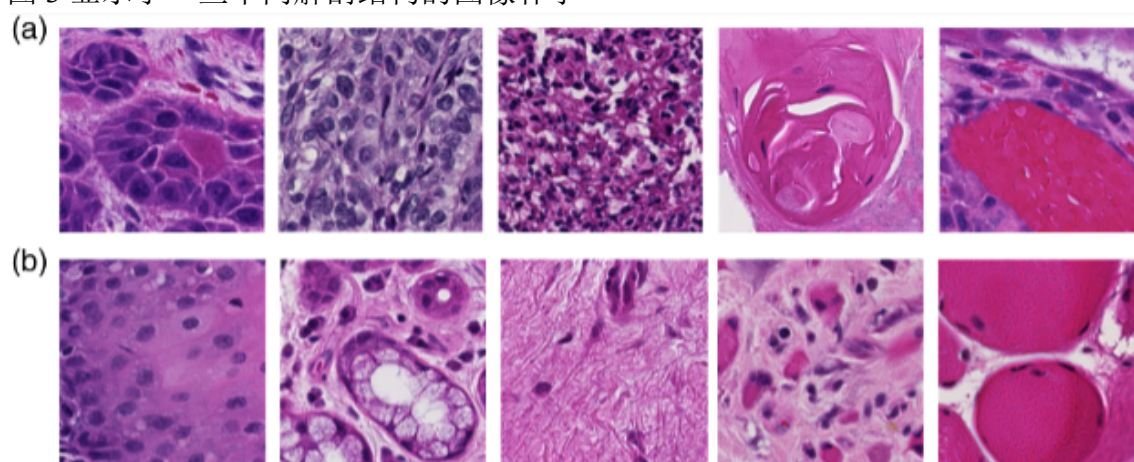


图 3: 共配的 RGB 组织学图像斑块 (200×200 像素) 显示解剖多样性。(a) 从癌性切片图像中提取具有不同组织学特征的斑块，包括细胞核异型性、基底样鳞状细胞癌、慢性炎症鳞状细胞癌、角蛋白珍珠鳞状细胞癌、出血鳞状细胞癌。(b) 由具有各种组织学特征的正常切片图像生成的斑块，包括健康的分层鳞状上皮、唾液腺、间质、慢性炎症和骨骼肌。

Patient ID	Organ	Number of images			Number of patches		
		T slide	N slide	Total	Cancerous	Normal	Total
1	Larynx	58	42	100	16,444	9756	26,200
2	Hypopharynx	95	45	140	21,040	17,350	38,390
3	Larynx	38	62	100	11,077	16,924	28,001
4	Larynx	22	28	50	5015	6819	11,834
5	Larynx	58	23	81	14,526	5508	20,034
6	Larynx	29	10	39	6903	2139	9042
7	Larynx	28	16	44	7087	2992	10,079
8	Buccal mucosa	23	12	35	4888	1841	6729
9	Larynx	20	37	57	3979	8199	12,178
10	Larynx	13	19	32	3111	4604	7715
11	Larynx	53	24	77	13,573	3671	17,244
12	Larynx	23	17	40	5375	2694	8069
13	Larynx	58	28	86	16,318	6401	22,719
14	Larynx	46	28	74	12,519	6518	19,037
15	Larynx	35	17	52	8750	4238	12,988
16	Larynx	81	40	121	20,002	10,073	30,075
Total		680	448	1,128	170,607	109,727	280,334

表 1: 高光谱组织学数据集摘要。

分别是癌变切片和正常切片。表 1 显示了我们最终获得的每张幻灯片的高光谱图像数量和图像补丁数量。

在这项研究中，我们首先使用整个数据集的一小部分来训练、验证和测试我们提出的超分辨率重建网络。以确保网络能够处理由于不同玻片的染色变化和厚度变化会引起光谱特征的变化，我们为每张玻片选择了两张空白区域最小的图像作为“超分辨率数据集”，而不是仅使用一个患者的大量图像。总共从 16 名患者的 64 张图像中选择了 22053 个补丁，从 12 名患者的 48 张图像中选择了 17022 个补丁用于训练，从 2 名患者 (#3 和 #14) 的 4 张图像中选择了 2166 个补丁用于验证，从其余 2 名患者 (#5 和 #15) 的 4 张图像中选择了 2865 个补丁用于测试。然后，在训练超分辨率重建网络后，使用 RGB 引导下的下采样高光谱图像补丁对所有数据生成高分辨率高光谱图像补丁，并分别使用 (1) 高分辨率 RGB 组织学图像补丁、(2) 原始高分辨率高光谱图像补丁和 (3) 生成的高分辨率高光谱图像补丁训练基于 inception 的 CNN 进行全幻灯片图像分类。三种数据类型的数据分区完全相同。来自 10 名患者的 181,711 张图像补丁用于训练，来自 3 名患者 (#3、#4 和 #8) 的 46,564 张图像补丁用于验证，来自另外 3 名患者 (#5、#14 和 #15) 的 52,059 张图像补丁用于测试。图像分类网络不排除之前作为“超分辨率数据集”的数据，生成整张幻灯片的分类概率图。然而，这些数据只占整个数据集的一小部分 (<9%); 因此，它们对分类结果没有明显的偏倚。整体工作流程及数据划分如图 4 所示。括号内的数字显示了用于训练 (TRAIN)、验证 (VAL) 和测试 (TEST) 的患者数量，下面的数字表示每个数据组中包含的图

像补丁的具体数量。

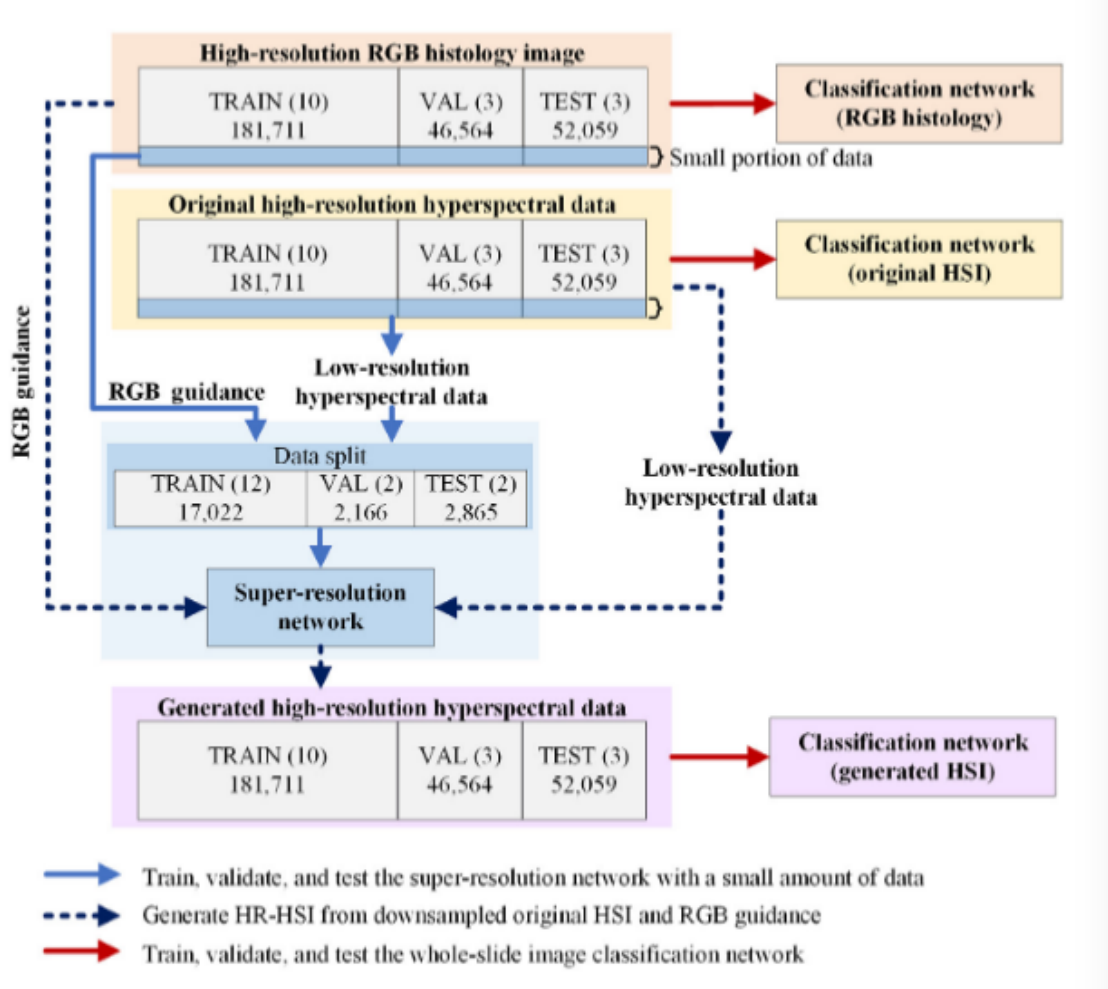


图 4: 实验流程说明及数据划分。括号内的数字显示了用于训练 (TRAIN)、验证 (VAL) 和测试 (TEST) 的患者数量, 下面的数字显示了每个数据组中使用的图像补丁的具体数量。

3 本文方法

3.1 无监督超分辨率重建网络

我们开发了一个无监督的超分辨率重建网络, 该网络以 LR-HSI 和 HR-RGB 为输入, 并生成 HR-HSI 和 LR-HSI 作为输出。为了考虑低分辨率高光谱图像的不同采集方法, 我们训练了 5 个具有不同超分辨率尺度的网络。第一种情况是使用相同的相机, 但降低视频适配器的放大倍率 (例如, 从 $1\times$ 到 $0.5\times$), 这将导致较小的图像尺寸和较低的图像分辨率。对于这种情况, 我们训练了一个 2 倍的超分辨率重建网络。第二种情况是使用空间分辨率相对较低的相机, 例如快照高光谱相机。在这种情况下, 我们训练了 $4\times$ 和 $5\times$ 网络, 因为 4×4 和 5×5 是快照高光谱相机最常见的两种镶嵌模式。另外两个网络, 即 $8\times$ 和 $10\times$, 也被用于评估所提出的方法是否具有更大范围的空间增强能力。图 5 以 $4\times$ 超分辨率重构网络的结构为例。输入 HR-RGB 的三个通道 (R、G 和 B) 分别被复制 35 次、35 次和 17 次, 并堆叠在一起, 形成一个 87 波段的“堆叠 HR-RGB”。具体而言, 由于我们的高光谱相机没有覆盖 370 470 nm 的波长范围, 导致蓝色通道比其他两个通道复制次数少, 导致高光谱图像中蓝色相关信息较少。先将 LR-HSI 输入 ($50\times 50\times 87$) 用二维 (2D) 反褶积层上采样至 $200\times 200\times 87$, 然后沿第三维即谱维与堆叠的 HR-RGB 级联, 形成 $200\times 200\times 174$ 的 patch。接下来是一种改进的 U-Net 体系结构, 将连接的 174 波段补丁作为输入, 并输出一个 HR-HSI 补丁。此外, 对生成的 HR-HSI 进行 4×4 平均池

化层，输出与输入的 HR-HSI 相同大小的 LR-HSI 补丁。请注意，图 5 中输入和生成的 LR-HSI 的尺寸都是一个 4× 网络。对于 2×、5×、8× 和 10× 网络，其尺寸分别为 $100 \times 100 \times 87$ 、 $40 \times 40 \times 87$ 、 $25 \times 25 \times 87$ 和 $20 \times 20 \times 87$ 。网络的详细信息如表 2 所示。我们在这项工作中的目的是生成高分辨率的高光谱图像，其空间对比度和细节与高分辨率 RGB 图像一样清晰，光谱特征接近原始 HSI。因此，该网络应能够分别从 RGB 图像和高光谱图像中提取空间信息和光谱信息，并将其融合到生成的高光谱图像中。这是通过同时最小化网络的空间损耗和频谱损耗来实现的。对于空间损耗，两种输入均堆叠高分辨率 RGB

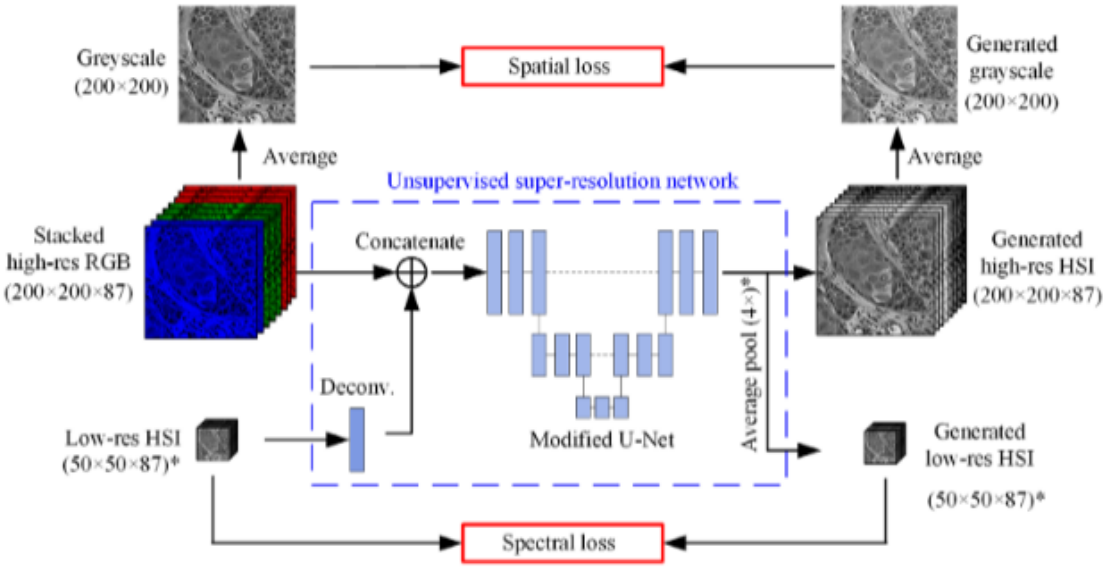


图 5: 无监督 4× 超分辨率重构网络结构，以 HR-RGB 和 LR-HSI 叠加作为输入和输出。图中 LRHSI 的尺寸仅适用于 4× 网络。对于 2×、5×、8× 和 10× 网络，输入和生成的 LR-HSI 的尺寸分别为 $100 \times 100 \times 87$ 、 $40 \times 40 \times 87$ 、 $25 \times 25 \times 87$ 和 $20 \times 20 \times 87$ 。 36

Layer	Kernel/strides/padding	Output shape
Input_1: high-res RGB	Image input 1	$200 \times 200 \times 87$
Input_2: low-res HSI	Image input 2	$W \times W \times 87$
Conv2D_Transpose	$(S + 1) \times (S + 1), S, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 87$
Concatenate	Concatenated feature maps	$200 \times 200 \times 174$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 196$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 256$
Conv2D	$3 \times 3, 2, \text{'same'}$	$100 \times 100 \times 384$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$100 \times 100 \times 512$
Conv2D	$3 \times 3, 2, \text{'same'}$	$50 \times 50 \times 640$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$50 \times 50 \times 768$
Conv2D_Transpose	$3 \times 3, 2, \text{'same'}$	$100 \times 100 \times 768$
Concatenate	Skip connection	$100 \times 100 \times 1280$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$100 \times 100 \times 640$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$100 \times 100 \times 512$
Conv2D_Transpose	$3 \times 3, 2, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 256$
Concatenate	Skip connection	$200 \times 200 \times 512$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 256$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 194$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 160$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 128$
Conv2D	$3 \times 3, 1, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 96$
Conv2D	$1 \times 1, 1, \text{'same'}$	$200 \times 200 \times 87$
AveragePool	$S \times S, S, \text{'valid'}$	$W \times W \times 87$

表 2: 超分辨率重构网络架构。

将生成的高分辨率 HSI 沿光谱维平均, 得到两幅高分辨率全色图像; 然后计算两幅全色图像的均方误差 (MSE), 并作为空间损失, 如式 (2) 所示。谱损失计算生成的 LR-HSI 与输入的 LR-HSI 之间的

MSE，如式 (3) 所示。损失函数的损失权值分别为 0.5 和 0.5:

$$L_{spatial} = \frac{1}{M \times N} \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^N (G_{i,j} - G_{i,j}^{\wedge})^2 \quad (2)$$

$$L_{spatial} = \frac{1}{m \times n \times b} \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n \sum_{k=1}^b (G_{i,j,k} - H_{i,j,k}^{\wedge})^2 \quad (3)$$

其中 M、N 为高分辨率全色图像的空间维度;m、n 为 LR-HSI 的空间维数;b = 87 为 LR-HSI 的频带数;G 和 G^{\wedge} 分别为堆叠 HR-RGB 和生成 HR-HSI 的平均全色图像;H 和 H^{\wedge} 分别为输入和生成的 LR-HSI。

3.2 图像分类

为了评估我们提出的超分辨率重建网络对图像分类的有效性，我们使用 HR-RGB、原始 HR-HSI 和生成的 HR-HSI 来训练、验证和测试基于 inception 的 2D CNN，并比较分类结果。具体来说，使用下采样的 LR-HSI 和之前训练的 4× 超分辨率重建网络，为所有图像补丁生成重构 HR-HSI。基于 inception 的 CNN 架构是从原始的 Inception-v4 网络 38 修改而来的，以适应我们的补丁大小。每个卷积层都使用“he-normal”权重初始化 39 进行初始化，然后进行“ReLU”激活和 20% dropout，除了输出层的激活函数为 sigmoid。CNN 架构和每个层/块的输入大小如表 3 所示。

CNN 是在同一个 Titan XP NVIDIA GPU 上使用带有 Tensorflow 后端的 Keras 40 实现的。优化器为 Adadelta 41，初始学习率为 1，衰减率为 $\rho = 0.95$ 。训练网络的批处理大小为 16，损失函数为二进制交叉熵。所有数据被分为训练组、验证组和测试组。10 名患者的数据用于训练，3 名患者 (3、4 和 8) 用于验证，3 名患者 (5、14 和 15) 用于测试。两组没有同时使用同一患者的数据。HR-RGB、原始 HR-HSI 和生成 HR-HSI 使用相同的数据分区，以避免偏倚。图像分类网络训练了 10 个 epoch，使用高光谱数据的训练时间为每 epoch 4.5 小时，使用 RGB 数据的训练时间为每 epoch 25 分钟。

Layer/block	Input size
Conv2D, "same"	$200 \times 200 \times 87$
Conv2D, "same"	$100 \times 100 \times 90$
Conv2D, "same"	$50 \times 50 \times 94$
Inception A block $\times 4$	$25 \times 25 \times 96$
Reduction A block	$25 \times 25 \times 384$
Inception B block $\times 7$	$11 \times 11 \times 1024$
Reduction B block	$11 \times 11 \times 1024$
Inception C block $\times 3$	$5 \times 5 \times 1536$
Average pool	$5 \times 5 \times 1536$
Flatten	$1 \times 1 \times 1536$
Dense (two neurons, 'sigmoid')	1536

表 3: 超分辨率重构网络架构。

3.3 损失函数定义

4 复现细节

4.1 与已有开源代码对比

此篇论文没有相关源代码。

本文工作分为两部分进行，第一部分高光谱高分辨率重建，第二部分使用重建的高光谱进行树种分类。树种分类精度可以达到 90%, 效果显著。

4.2 创新点

使用高光谱超分原理，使得低分辨率的 HSI 可以从 RGB 中得到更精细的纹理特征，构建得到 HR-HSI 提高了树种的分类精度。

5 实验结果分析

图 6 所示展示了低分辨率的 HSI 从 RGB 中得到更精细的纹理特征，构建得到的 HR-HSI。图 7 结果表明了由于 HR-HSI 具有更多的纹理特征，使得分类精度得以提升。

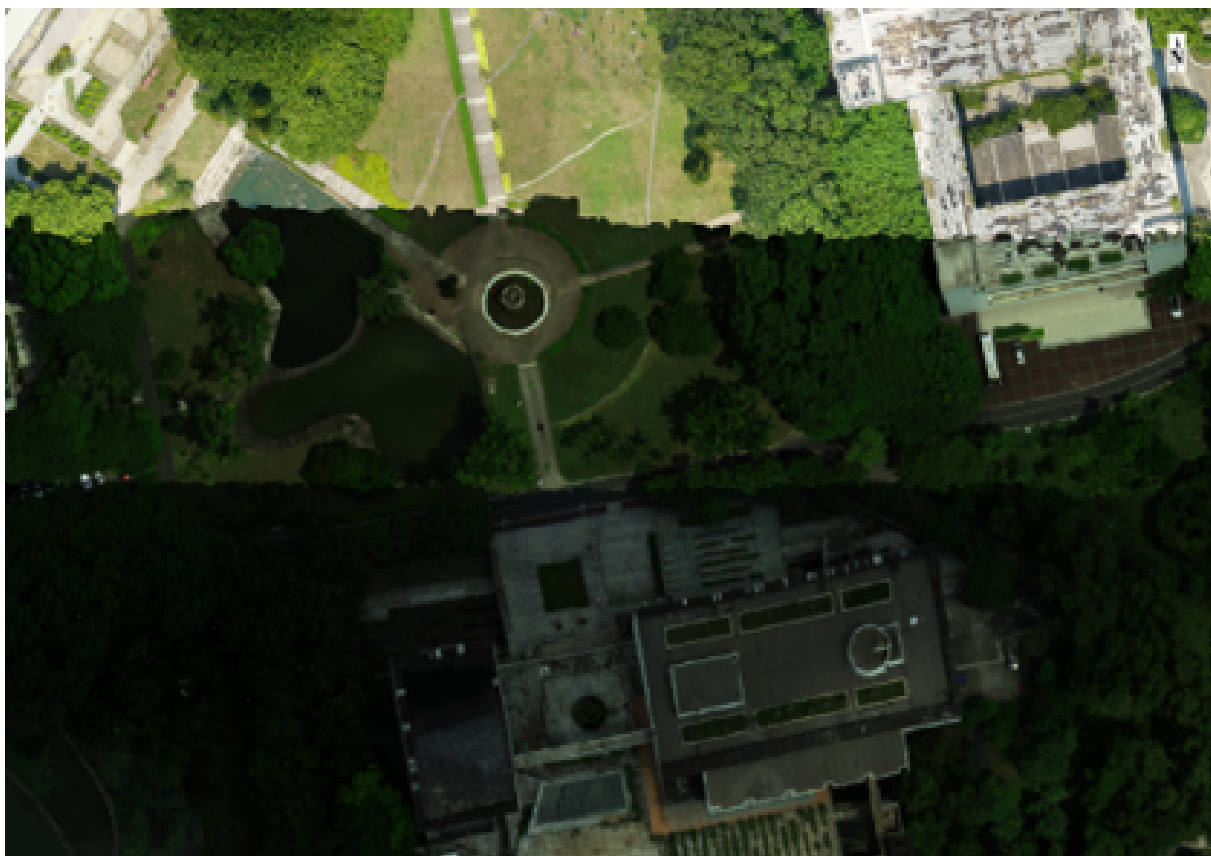


图 6: 重建得到的 HR-HSI 样例

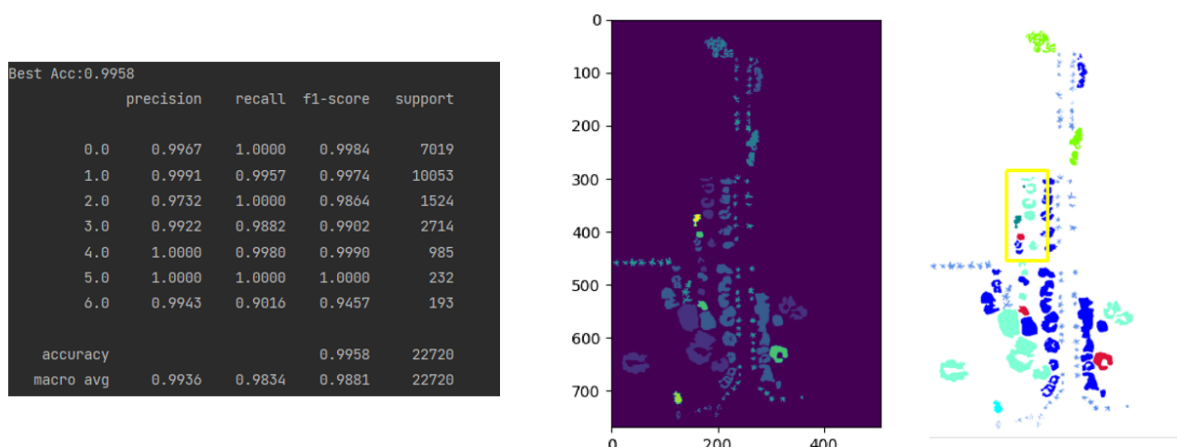


图 7: 树种分类结果

6 总结与展望

高光谱成像 (HSI) 为深大树种分类提供了丰富的光谱信息。但是，获取整个深大树种的高分辨率 HSI 数据可能很耗时，并且需要大量的存储空间。如今相机与无人机航拍技术日趋成熟，使用无人机航拍可以快速获得具有高分辨率和出色的图像质量 RGB 深大鸟瞰图。我们的目标是开发一种 RGB 引导的高光谱超分辨率重建网络得到高分辨率高光谱图像，其在保持光谱特性的同时拥有较高图像分辨率，最后把得到的融合数据进行树种分类。

未来进行树种的细粒度分类可以进行多模态数据融合，例如 Lidar, HSI, RGB 等。

参考文献

- [1] MADABHUSHI A, LEE G. Image analysis and machine learning in digital pathology: Challenges and opportunities[J]. Medical image analysis, 2016, 33: 170-175.

- [2] NAM S, CHONG Y, JUNG C K, et al. Introduction to digital pathology and computer-aided pathology [J]. Journal of pathology and translational medicine, 2020, 54(2): 125-134.
- [3] ORTEGA S, HALICEK M, FABELLO H, et al. Hyperspectral imaging and deep learning for the detection of breast cancer cells in digitized histological images[C]//Medical Imaging 2020: Digital Pathology: vol. 11320. 2020: 206-214.
- [4] ROTH G A, TAHILIANI S, NEU-BAKER N M, et al. Hyperspectral microscopy as an analytical tool for nanomaterials[J]. Wiley Interdisciplinary Reviews: Nanomedicine and Nanobiotechnology, 2015, 7(4): 565-579.
- [5] MA L, ZHOU X, LITTLE J V, et al. Hyperspectral microscopic imaging for the detection of head and neck squamous cell carcinoma on histologic slides[C]//Medical Imaging 2021: Digital Pathology: vol. 11603. 2021: 155-164.
- [6] ZHOU X, MA L, BROWN W, et al. Automatic detection of head and neck squamous cell carcinoma on pathologic slides using polarized hyperspectral imaging and machine learning[C]//Medical Imaging 2021: Digital Pathology: vol. 11603. 2021: 165-173.
- [7] FEREIDOUNI F, TODD A, LI Y, et al. Dual-mode emission and transmission microscopy for virtual histochemistry using hematoxylin-and eosin-stained tissue sections[J]. Biomedical optics express, 2019, 10(12): 6516-6530.
- [8] ZHOU X, MA L, BROWN W, et al. Automatic detection of head and neck squamous cell carcinoma on pathologic slides using polarized hyperspectral imaging and machine learning[C]//Medical Imaging 2021: Digital Pathology: vol. 11603. 2021: 165-173.
- [9] NAKAYA D, TSUTSUMIUCHI A, SATORI S, et al. Digital pathology with hyperspectral imaging for colon and ovarian cancer[C]//Medical Imaging 2019: Digital Pathology: vol. 10956. 2019: 201-207.
- [10] MA L, HALICEK M, ZHOU X, et al. Hyperspectral microscopic imaging for automatic detection of head and neck squamous cell carcinoma using histologic image and machine learning[C]//Medical Imaging 2020: Digital Pathology: vol. 11320. 2020: 215-224.
- [11] MA L, LITTLE J V, CHEN A Y, et al. Automatic detection of head and neck squamous cell carcinoma on histologic slides using hyperspectral microscopic imaging[J]. Journal of biomedical optics, 2022, 27(4): 046501-046501.
- [12] TRAN M H, MA L, LITTE J V, et al. Thyroid carcinoma detection on whole histologic slides using hyperspectral imaging and deep learning[C]//Medical Imaging 2022: Digital and Computational Pathology: vol. 12039. 2022: 101-111.