

Extraction de composants purs et démélange linéaire bayésien en imagerie hyperspectrale

Nicolas DOBIGEON^{1,2}, Saïd MOUSSAOUI³, Martial COULON¹, Jean-Yves TOURNERET¹, Alfred O. HERO²

¹Université de Toulouse, IRIT/INP-ENSEEIH/TéSA, 2 rue Camichel, 31071 Toulouse cedex 7, France

²University of Michigan, Department of EECS, Ann Arbor, MI 48109-2122, USA

³IRCCyN - CNRS UMR 6597, ECN, 1 rue de la Noë, BP 92101, 44321 Nantes Cedex 3, France
{nicolas.dobigeon,martial.coulon,jean-yves.tourneret}@enseeiht.fr
said.moussaoui@ircryn.ec-nantes.fr, hero@umich.edu

Résumé – Cet article propose une nouvelle méthode de démélange aveugle d’images hyperspectrales pour estimer conjointement les spectres des composants purs de l’image et leurs proportions respectives au sein de chaque pixel. Cet algorithme totalement bayésien repose sur le choix judicieux de lois a priori permettant de respecter les contraintes inhérentes au modèle d’observation, et sur l’estimation des signatures spectrales dans un sous-espace approprié. Cette estimation conjointe permet de pallier les inconvénients des méthodes de démélange spectral basées sur deux étapes successives. Elle fournit également des estimations des paramètres d’intérêt qui respectent toutes les contraintes de positivité et d’additivité caractéristiques du modèle. Des simulations conduites sur des images synthétiques et réelles permettent d’illustrer les performances de la méthode proposée.

Abstract – This paper introduces a new blind hyperspectral unmixing method to estimate the endmember spectra and their respective abundance for each image pixel jointly. This fully Bayesian algorithm relies on an appropriate choice of the priors that allows one to ensure the constraints inherent the hyperspectral imagery, and on the estimation of the endmember spectra in a lower-dimensional space. This joint estimation overcomes the main disadvantages of the unmixing methods based on two successive and distinct steps. It also provides parameter estimates that ensure the positivity and additivity constraints. Simulations conducted on synthetic and real images illustrate the performance of the proposed method.

1 Introduction

Ces dernières années¹, le problème de démélange spectral a fait l’objet d’un nombre considérable de travaux. Il consiste à décomposer le spectre d’un pixel observé en un ensemble de composants purs (ou *signatures spectrales*) et à estimer les proportions (ou *abondances*) respectives de chacun de ces composants au sein du pixel [1]. Le modèle de mélange linéaire considéré dans cet article est le modèle le plus fréquemment rencontré dans la littérature et constitue une bonne approximation dans le domaine spectral allant de $0.4\mu\text{m}$ à $2.5\mu\text{m}$. Il suppose que le spectre du pixel observé est une combinaison linéaire des spectres des composants purs à estimer.

Comme expliqué dans [1], le démélange spectral, ou *analyse de mélange spectral linéaire* (AMSL), a très souvent été effectué en deux étapes distinctes : l’identification des signatures spectrales puis l’estimation des abondances. Au cours de la première étape de ce processus de résolution, les composants macroscopiques sont identifiés par un algorithme d’extraction de pôles de mélange, comme les algorithmes VCA [2] ou N-FINDR [3]. La deuxième étape dans l’AMSL, ap-

pelée étape d’*inversion*, consiste à estimer les proportions des matériaux précédemment identifiés. De nombreux algorithmes d’inversion ont été proposés dans la littérature, basés sur des approches d’estimation de maximum de vraisemblance [4] ou d’estimation bayésienne [5].

Cependant, il apparaît clairement que résoudre l’AMSL en deux étapes distinctes et successives pose parfois quelques problèmes. La contribution majeure de ce papier est de proposer un modèle et un algorithme qui permettent d’estimer conjointement les signatures spectrales et les abondances qui leur sont associées. Cette approche conjointe fait du problème considéré un problème de séparation aveugle de sources pour lequel un grand nombre de solutions ont été apportées dans la littérature. Pourtant, comme relevé dans [6], les algorithmes basés sur l’analyse en composantes indépendantes se sont montrés inefficaces en imagerie hyperspectrale, dû notamment à la trop grande dépendance entre les signaux sources. D’autres stratégies exploitant des techniques de factorisation de matrices non-négatives [7] ont été proposées. Cependant, celles-ci ne permettent pas de prendre en compte explicitement toutes les contraintes physiques liées au problème de démélange linéaire rencontrées en imagerie hyperspectrale : positivité des signatures spectrales et des abondances, ainsi qu’additivité des abon-

¹Ce travail a été financé par le GdR-ISIS et une bourse AFOSR FA9550-06-1-0324.

dances. La modélisation bayésienne proposée dans cet article est un moyen efficace de prendre en compte toutes ces contraintes, notamment en choisissant des lois *a priori* adéquates pour les paramètres inconnus. Par ailleurs, une analyse fine de la géométrie du problème nous a permis de montrer qu'il suffit d'estimer les signatures spectrales dans un sous-espace approprié, de dimension bien inférieure à celle de l'espace d'observation. Cette estimation dans un sous-espace permet de réduire considérablement les degrés de liberté des paramètres inconnus, et ainsi de s'affranchir du problème d'identifiabilité tout en respectant les contraintes physiques sus-citées. Afin de déterminer des estimateurs des paramètres inconnus du modèle Bayésien proposé dans cet article, nous étudions un algorithme de Gibbs qui génère des données distribués asymptotiquement suivant la loi *a posteriori* des paramètres inconnus. Des résultats de simulations conduites sur des images synthétiques permettent d'illustrer l'intérêt de la méthode.

2 Modèle de mélange linéaire et position du problème

Considérons P pixels d'une image hyperspectrale acquise dans L bandes spectrales. Selon le modèle de mélange linéaire, décrit par exemple dans [1], le spectre $\mathbf{y}_p = [y_{p,1}, \dots, y_{p,L}]^T$ du $p^{\text{ème}}$ pixel ($p = 1, \dots, P$) s'exprime comme la combinaison linéaire de R signatures spectrales \mathbf{m}_r entachée d'un bruit additif Gaussien

$$\mathbf{y}_p = \sum_{r=1}^R \mathbf{m}_r a_{p,r} + \mathbf{n}_p, \quad (1)$$

où $\mathbf{m}_r = [m_{r,1}, \dots, m_{r,L}]^T$ est le spectre du $r^{\text{ème}}$ matériau, $a_{p,r}$ est la proportion du $r^{\text{ème}}$ matériau dans le $p^{\text{ème}}$ pixel, R est le nombre de composants, L est le nombre de bandes spectrales et P est le nombre de pixels observés. De plus, dans (1), $\mathbf{n}_p = [n_{p,1}, \dots, n_{p,L}]^T$ est une séquence de bruit additif que l'on supposera indépendante et identiquement distribuée (i.i.d.) suivant une loi normale centrée et de matrice de covariance $\Sigma_n = \sigma^2 \mathbf{I}_L$, où \mathbf{I}_L est la matrice identité de taille $L \times L$.

En raison de considérations physiques décrites dans [1], les vecteurs d'abondances $\mathbf{a}_p = [a_{p,1}, \dots, a_{p,R}]^T$ dans (1) vérifient les contraintes de positivité et d'additivité suivantes

$$\begin{cases} a_{p,r} \geq 0, \forall r = 1, \dots, R, \\ \sum_{r=1}^R a_{p,r} = 1. \end{cases} \quad (2)$$

En d'autres termes, les p vecteurs d'abondances appartiennent à l'espace $\mathcal{A} = \{\mathbf{a} : \|\mathbf{a}\|_1 = 1 \text{ et } \mathbf{a} \succeq \mathbf{0}\}$ où $\|\cdot\|_1$ est la norme ℓ_1 $\|\mathbf{x}\|_1 = \sum_i |x_i|$, et $\mathbf{a} \succeq \mathbf{0}$ représentent l'ensemble des inégalités $\{a_r \geq 0\}_{r=1, \dots, R}$. De plus, les signatures spectrales $m_{r,l}$ doivent satisfaire les contraintes de positivité

$$m_{r,l} \geq 0, \forall r = 1, \dots, R, \forall l = 1, \dots, L. \quad (3)$$

Si l'on considère tous les pixels de l'image hyperspectrale, le système d'équations (1) s'écrit sous forme matricielle $\mathbf{Y} = \mathbf{M}\mathbf{A} + \mathbf{N}$ où \mathbf{Y} est une matrice de taille $L \times P$ contenant

toutes les observations associées aux pixels de l'image, \mathbf{M} est une matrice de taille $L \times R$ contenant les signatures spectrales, \mathbf{A} est une matrice de taille $R \times P$ contenant les abondances et \mathbf{N} est une matrice de taille $L \times P$ contenant les bruits associés aux observations. Nous proposons dans ce travail d'estimer conjointement \mathbf{A} et \mathbf{M} à partir des observations bruitées \mathbf{Y} sous les contraintes (2) et (3).

3 Modèle bayésien

La contribution majeure de ce papier réside dans le choix judicieux de lois *a priori* pour les signatures spectrales. Nous nous limiterons donc dans ce résumé à la description de ces lois. La fonction de vraisemblance associée aux données, ainsi que la modélisation *a priori* hiérarchique des vecteurs d'abondances et de la variance du bruit peuvent être trouvées dans [4].

3.1 Modèle *a priori* des signatures spectrales

3.1.1 Réduction de dimensionnalité

Remarquons tout d'abord que l'ensemble

$$\mathcal{S}_M = \left\{ \mathbf{x} \in \mathbb{R}^L; \mathbf{x} = \sum_{r=1}^R \lambda_r \mathbf{m}_r, \sum_{r=1}^R \lambda_r = 1, \lambda_r \geq 0 \right\}$$

est un polytope convexe de \mathbb{R}^L dont les sommets sont les R signatures à estimer ($r = 1, \dots, R$). Par conséquent, les données cachées $\mathbf{X} = \mathbf{M}\mathbf{A} = \mathbf{Y} - \mathbf{N}$ peuvent être représentées dans un sous-espace \mathcal{V}_K de dimension adéquate de \mathbb{R}^K sans perte d'information². Comme énoncé dans [1], cette réduction de dimensionnalité est une étape classique dans l'AMSL, requise par de nombreux algorithmes d'extraction de pôles de mélange, comme N-FINDR [3] ou PPI [8]. Dans ce papier, nous proposons d'estimer dans un cadre bayésien les projections \mathbf{t}_r ($r = 1, \dots, R$) des signatures spectrales \mathbf{m}_r sur le sous-espace \mathcal{V}_K . Cette approche permet de réduire considérablement les degrés de liberté des paramètres à estimer. Nous supposons que ce sous-espace a préalablement été estimé par l'une des nombreuses techniques de réduction de dimensionnalité (analyse en composantes principales...). La projection $\mathbf{t}_r \in \mathbb{R}^K$ et la signature spectrale $\mathbf{m}_r \in \mathbb{R}^L$ sont liées par les relations $\mathbf{t}_r = \mathbf{P}(\mathbf{m}_r - \bar{\mathbf{y}})$ et $\mathbf{m}_r = \mathbf{U}\mathbf{t}_r + \bar{\mathbf{y}}$, où \mathbf{P} est la matrice de projection, \mathbf{U} est la pseudo-inverse de \mathbf{P} et $\bar{\mathbf{y}}$ est la moyenne empirique des observations.

3.1.2 Lois *a priori* des spectres projetés

Les lois *a priori* choisies pour les spectres projetés doivent permettre de respecter les contraintes de positivité introduites dans (3). De simples calculs permettent d'identifier l'ensemble $\mathcal{T}_r \subset \mathcal{V}_K$ tel que

$$\{\mathbf{m}_{l,r} \geq 0, \forall l = 1, \dots, L\} \Leftrightarrow \{\mathbf{t}_r \in \mathcal{T}_r\}.$$

²Dans ce sous-espace, les données non bruitées \mathbf{X} forment un $(R-1)$ -simplexe dont les sommets sont les projections des signatures spectrales à estimer.

Nous choisissons une loi normale multivariée $\mathcal{N}_{\mathcal{T}_r}(\mathbf{e}_r, s_r^2 \mathbf{I}_K)$ tronquée à l'ensemble \mathcal{T}_r comme loi a priori de \mathbf{t}_r . Les vecteurs moyennes \mathbf{e}_r ($r = 1, \dots, R$) de ces lois a priori sont fixés comme les solutions fournies par un algorithme rapide d'extraction de pôles de mélange comme N-FINDR ou VCA. En absence d'informations a priori supplémentaires, les variances s_r^2 ($r = 1, \dots, R$) sont fixées à de grandes valeurs $s_1^2 = \dots = s_R^2 = 50$.

3.2 Loi a posteriori

Les lois a priori définies précédemment permet d'obtenir la loi a posteriori jointe suivante

$$f(\mathbf{C}, \mathbf{T}, \sigma^2 | \mathbf{Y}) \propto \prod_{r=1}^R \exp \left[-\frac{\|\mathbf{t}_r - \mathbf{e}_r\|^2}{2s_r^2} \right] \mathbf{1}_{\mathcal{T}_r}(\mathbf{t}_r) \\ \times \prod_{p=1}^P \left[\left(\frac{1}{\sigma^2} \right)^{\frac{L}{2}+1} \exp \left(-\frac{\|\mathbf{y}_p - (\mathbf{U}\mathbf{T} + \bar{\mathbf{y}}) \mathbf{a}_p\|^2}{2\sigma^2} \right) \right] \\ \times \prod_{p=1}^P \mathbf{1}_{\mathcal{S}}(\mathbf{c}_p),$$

où $\mathbf{C} = [\mathbf{c}_1, \dots, \mathbf{c}_P]^T$ est une matrice issue d'une reparamétrisation adéquate des vecteurs d'abondances et $\mathbf{1}(\cdot)$ désigne la fonction indicatrice. Cette loi a posteriori est trop complexe pour pouvoir calculer aisément les estimateurs bayésiens classiques (MMSE ou MAP). Un algorithme de Gibbs, détaillé dans la section suivante, est proposé pour générer des échantillons $\{\mathbf{C}^{(t)}, \mathbf{T}^{(t)}, \sigma^{2(t)}\}$ distribués suivant cette loi. Ces échantillons sont ensuite utilisés pour approcher les estimateurs des paramètres d'intérêt.

4 Echantillonneur de Gibbs

Des échantillons (notés $\cdot^{(t)}$ où t est l'indice de l'itération) peuvent être générés suivant $f(\mathbf{C}, \mathbf{T}, \sigma^2 | \mathbf{Y})$ à l'aide d'un échantillonneur de Gibbs décrit ci-dessous [9].

4.1 Echantillonnage suivant $f(\mathbf{C} | \mathbf{T}, \sigma^2, \mathbf{Y})$

Pour chaque pixel p , on a

$$f(\mathbf{c}_p | \mathbf{T}, \sigma^2, \mathbf{y}_p) \\ \propto \exp \left[-\frac{(\mathbf{c}_p - \mathbf{v}_p)^T \Sigma_p^{-1} (\mathbf{c}_p - \mathbf{v}_p)}{2} \right] \mathbf{1}_{\mathcal{S}}(\mathbf{c}_p), \quad (4)$$

où

$$\left\{ \begin{array}{l} \Sigma_p = \left[(\mathbf{M}_{-R} - \mathbf{m}_R \mathbf{1}_{R-1}^T)^T \Sigma_n^{-1} (\mathbf{M}_{-R} - \mathbf{m}_R \mathbf{1}_{R-1}^T) \right]^{-1}, \\ \mathbf{v}_p = \Sigma_p \left[(\mathbf{M}_{-R} - \mathbf{m}_R \mathbf{1}_{R-1}^T)^T \Sigma_n^{-1} (\mathbf{y}_p - \mathbf{m}_R) \right], \end{array} \right. \quad (5)$$

avec $\Sigma_n^{-1} = \frac{1}{\sigma^2} \mathbf{I}_L$, $\mathbf{1}_{R-1} = [1, \dots, 1]^T \in \mathbb{R}^{R-1}$ et où \mathbf{M}_{-R} est la matrice \mathbf{M} dont la R ème colonne a été supprimée. Par

conséquent, $\mathbf{c}_p | \mathbf{T}, \sigma^2, \mathbf{y}_p$ est distribué suivant une loi normale multivariée tronquée au \mathcal{S} défini par (7)

$$\mathbf{c}_p | \mathbf{T}, \sigma^2, \mathbf{y}_p \sim \mathcal{N}_{\mathcal{S}}(\mathbf{v}_p, \Sigma_p). \quad (6)$$

avec

$$\mathcal{S} = \{ \mathbf{c}_p; \|\mathbf{c}_p\|_1 \leq 1 \text{ and } \mathbf{c}_p \succeq \mathbf{0} \}. \quad (7)$$

Générer des échantillons distribués suivant cette loi tronquée peut être effectué efficacement en suivant la stratégie décrite dans [10].

4.2 Echantillonnage suivant $f(\mathbf{T} | \mathbf{C}, \sigma^2, \mathbf{Y})$

Si \mathbf{T}_{-r} est la matrice \mathbf{T} dont la r ème colonne a été supprimée, alors la loi conditionnelle a posteriori de \mathbf{t}_r ($r = 1, \dots, R$) est

$$f(\mathbf{t}_r | \mathbf{T}_{-r}, \mathbf{c}_r, \sigma^2, \mathbf{Y}) \propto \\ \exp \left[-\frac{1}{2} (\mathbf{t}_r - \boldsymbol{\tau}_r)^T \boldsymbol{\Lambda}_r^{-1} (\mathbf{t}_r - \boldsymbol{\tau}_r) \right] \mathbf{1}_{\mathcal{T}_r}(\mathbf{t}_r), \quad (8)$$

avec

$$\left\{ \begin{array}{l} \boldsymbol{\Lambda}_r = \left[\sum_{p=1}^P a_{p,r}^2 \mathbf{U}^T \Sigma_n^{-1} \mathbf{U} + \frac{1}{s_r^2} \mathbf{I}_K \right]^{-1}, \\ \boldsymbol{\tau}_r = \boldsymbol{\Lambda}_r \left[\sum_{p=1}^P a_{p,r}^2 \mathbf{U}^T \Sigma_n^{-1} \boldsymbol{\epsilon}_{p,r} + \frac{1}{s_r^2} \mathbf{e}_r \right], \end{array} \right. \quad (9)$$

et

$$\boldsymbol{\epsilon}_{p,r} = \mathbf{y}_p - a_{p,r} \bar{\mathbf{y}} - \sum_{j \neq r} a_{p,j} \mathbf{m}_j. \quad (10)$$

Générer des vecteurs distribués suivant cette loi est délicat, principalement à cause la troncature à l'espace \mathcal{T}_r . Une alternative consiste à générer chaque composante $t_{k,r}$ de \mathbf{t}_r conditionnellement aux autres $\mathbf{t}_{-k,r} = \{t_{j,r}\}_{j \neq k}$. En notant $\mathcal{U}_k^+ = \{l; u_{l,k} > 0\}$, $\mathcal{U}_k^- = \{l; u_{l,k} < 0\}$ et $\varepsilon_{l,k,r} = \bar{y}_l + \sum_{j \neq k} u_{l,j} t_{j,r}$, il vient

$$t_{k,r} | \mathbf{t}_{-k,r}, \mathbf{T}_{-r}, \mathbf{c}_r, \sigma^2, \mathbf{Y} \sim \mathcal{N}_{[t_{k,r}^-, t_{k,r}^+]}(w_{k,r}, z_{k,r}^2), \quad (11)$$

avec

$$\left\{ \begin{array}{l} t_{k,r}^- = \max_{l \in \mathcal{U}_k^+} -\frac{\varepsilon_{l,k,r}}{u_{l,k}}, \\ t_{k,r}^+ = \min_{l \in \mathcal{U}_k^-} -\frac{\varepsilon_{l,k,r}}{u_{l,k}}, \end{array} \right. \quad (12)$$

et où $w_{k,r}$ et $z_{k,r}^2$ sont les moyenne et variance conditionnelles calculées suivant [11, p. 324] (voir [10] pour des calculs similaires). Générer des échantillons distribués suivant la loi normale tronquée à droite et à gauche (11) peut se faire en utilisant la méthode décrite dans [12].

4.3 Echantillonnage suivant $f(\sigma^2 | \mathbf{C}, \mathbf{T}, \mathbf{Y})$

La loi conditionnelle a posteriori de $\sigma^2 | \mathbf{C}, \mathbf{T}, \mathbf{Y}$ est la loi inverse-Gamma suivante

$$\sigma^2 | \mathbf{C}, \mathbf{T}, \mathbf{Y} \sim \mathcal{IG} \left(\frac{PL}{2}, \frac{1}{2} \sum_{p=1}^P \|\mathbf{y}_p - \mathbf{M} \mathbf{a}_p\|^2 \right). \quad (13)$$

5 Résultats de simulations

Pour illustrer l'intérêt de la méthode proposée, l'algorithme a été appliqué sur une image synthétique de 100×100 pixels, dans lesquels apparaissent trois signatures spectrales représentatives d'un environnement semi-urbain : béton de construction, herbe verte et brique rouge. Ces signatures, issus de la bibliothèque spectrale fournie avec le logiciel ENVI, sont mesurées dans $L = 413$ bandes spectrales et représentées sur la Fig. 1 (haut, noir). Ces composants macroscopiques sont mélangés au sein des pixels de l'image dans des proportions aléatoires avec un bruit i.i.d. correspondant à un niveau de bruit $\text{SNR} = 15\text{dB}$. Les résultats d'estimation des signatures spectrales obtenus par notre algorithme, représentées sur la Fig. 1 (haut, rouge) ont été comparés à ceux fournis par les algorithmes VCA et N-FINDR (voir Tableau 5, haut). Les résultats concernant l'estimation des 10^4 vecteurs d'abondances (voir Fig. 1, bas), rapportés dans le Tableau 5 (bas) illustrent également la précision de la méthode proposée.

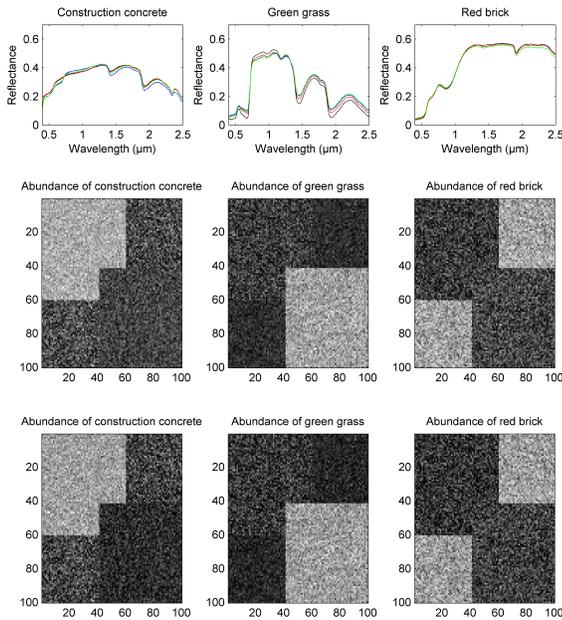


FIG. 1 – Haut : spectres réels (noir), estimés par N-FINDR (bleu), estimés par VCA (vert) et estimés par l'approche proposée (rouge). Milieu et bas : cartes d'abondance réelles et estimées.

6 Conclusion

Cet article décrit un modèle Bayésien et un algorithme MCMC pour le démixage non-supervisé d'images hyperspectrales, c'est à dire l'estimation conjointe des pôles de mélange et de leurs proportions respectives dans chaque pixel. L'efficacité de la méthode proposée réside en partie sur l'estimation des projec-

	Modèle bayésien	VCA	N-FINDR
Matériau #1	0.10	1.29	0.54
Matériau #2	2.68	15.59	5.19
Matériau #3	0.16	4.35	0.57
	Modèle bayésien	VCA	N-FINDR
Matériau #1	25.68	57.43	30.66
Matériau #2	29.97	74.48	46.45
Matériau #3	3.19	83.02	11.22

TAB. 1 – Comparaison de performances d'estimation entre les algorithmes VCA, N-FINDR et l'approche proposée : erreurs quadratiques moyennes entre les $R = 3$ spectres estimés et les spectres réels (haut), erreurs quadratiques moyennes globales entre les vecteurs d'abondances estimés (bas).

tions des spectres purs dans un sous-espace approprié. Dans ce sous-espace, des lois *a priori* ont été choisies pour les projections qui permettent d'assurer la positivité des spectres purs. Des résultats de simulations conduites sur des données synthétiques ont permis d'illustrer les performances de l'algorithme proposé.

Références

- [1] N. Keshava and J. F. Mustard, "Spectral unmixing," *IEEE Signal Processing Magazine*, pp. 44–57, Jan. 2002.
- [2] J. M. Nascimento and J. M. Bioucas-Dias, "Vertex component analysis: A fast algorithm to unmix hyperspectral data," *IEEE Trans. Geosci. and Remote Sensing*, vol. 43, no. 4, pp. 898–910, April 2005.
- [3] M. Winter, "Fast autonomous spectral end-member determination in hyperspectral data," in *Proc. 13th Int. Conf. on Applied Geologic Remote Sensing*, vol. 2, Vancouver, April 1999, pp. 337–344.
- [4] N. Dobigeon, J.-Y. Tournet, and C.-I Chang, "Semi-supervised linear spectral unmixing using a hierarchical Bayesian model for hyperspectral imagery," *IEEE Trans. Signal Processing*, vol. 56, no. 7, pp. 2684–2695, July 2008.
- [5] J. Settle, "On the relationship between spectral unmixing and subspace projection," *IEEE Trans. Geosci. and Remote Sensing*, vol. 34, no. 4, pp. 1045–1046, July 1996.
- [6] J. M. P. Nascimento and J. M. Bioucas-Dias, "Does independent component analysis play a role in unmixing hyperspectral data?" *IEEE Trans. Geosci. and Remote Sensing*, vol. 43, no. 1, pp. 175–187, Jan. 2005.
- [7] P. Paatero and U. Tapper, "Positive matrix factorization: a non-negative factor model with optimal utilization of error estimates of data values," *Environmetrics*, vol. 5, pp. 111–126, 1994.
- [8] J. Boardman, "Automating spectral unmixing of AVIRIS data using convex geometry concepts," in *Summaries 4th Annu. JPL Airborne Geoscience Workshop*, vol. 1. Washington, D.C.: JPL Pub., 1993, pp. 11–14.
- [9] C. P. Robert and G. Casella, *Monte Carlo Statistical Methods*. New York: Springer-Verlag, 1999.
- [10] N. Dobigeon and J.-Y. Tournet, "Efficient sampling according to a multivariate Gaussian distribution truncated on a simplex," IRIT/ENSEEIH/TéSA, Tech. Rep., March 2007. [Online]. Available: <http://dobigeon.perso.enseiht.fr/publis.html>
- [11] S. M. Kay, *Fundamentals of Statistical Signal Processing: Estimation theory*. Englewood Cliffs NJ: Prentice Hall, 1993.
- [12] C. P. Robert, "Simulation of truncated normal variables," *Statistics and Computing*, vol. 5, pp. 121–125, 1995.