



## 基于ADE算法优化的木材单板染色全光谱配色模型研究

魏艳秀 管雪梅 李文峰 黄青龙

### Optimization of Full-spectrum Color Matching Model of Wood Veneer Dyeing Based on ADE Algorithm

Wei Yanxiu, Guan Xuemei, Li Wenfeng, Huang Qinglong

引用本文:

魏艳秀, 管雪梅, 李文峰, 黄青龙. 基于ADE算法优化的木材单板染色全光谱配色模型研究[J]. 西南林业大学学报, 2021, 41(2):125–132. doi: 10.11929/j.swfu.201912054

Wei Yanxiu, Guan Xuemei, Li Wenfeng, Huang Qinglong. Optimization of Full-spectrum Color Matching Model of Wood Veneer Dyeing Based on ADE Algorithm[J]. Journal of Southwest Forestry University(Natural Science), 2021, 41(2):125–132. doi: 10.11929/j.swfu.201912054

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201912054>

---

## 您可能感兴趣的其他文章

### Articles you may be interested in

#### 高温水热处理对马尾松木材尺寸稳定性和材色的影响

The Size Stability and Color Change of *Pinus massoniana* Wood by High Temperature Hydrothermal Treatment

西南林业大学学报. 2019, 39(1): 160 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201809043>

#### 基于高光谱技术剑湖湿地茭草磷含量估算模型研究

The Estimation Model for Phosphorus Content of *Zizania Cuciflora* in Jianhu Wetland Based on Hyperspectral Technology

西南林业大学学报. 2019, 39(1): 123 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201812026>

#### 饱水清代木材的构造腐朽程度及加固处理对其颜色的影响

The Influences of the Anatomical Structure and Deterioration State of Wood from a Qing Dynasty Shipwreck on Wood Color After the Consolidation Treatment

西南林业大学学报. 2020, 40(1): 132 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201903133>

#### 基于光谱特征参量的高山松叶片氮素含量估测模型研究

Spectral Characteristic Parameter-based Models for Foliar Nitrogen Content Estimation of *Pinus densata*

西南林业大学学报. 2018, 38(3): 151 <https://doi.org/10.11929/j.issn.2095-1914.2018.03.022>

#### 基于DEM的小班坡度自动提取算法及其验证

Automatic Extraction Algorithm and Verification of Subcompartment Slope Based on DEM

西南林业大学学报. 2019, 39(4): 83 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201901026>

#### 西双版纳普洱茶叶片生化参数高光谱估测模型研究

Hyperspectral Estimation Model of Pu'er Tea Leaves Biochemical Parameters in Xishuangbanna

西南林业大学学报. 2019, 39(2): 92 <https://doi.org/10.11929/j.swfu.201808019>

DOI: 10.11929/j.swfu.201912054

引文格式: 魏艳秀, 管雪梅, 李文峰, 等. 基于 ADE 算法优化的木材单板染色全光谱配色模型研究 [J]. 西南林业大学学报 (自然科学), 2021, 41(2): 125–132.

## 基于 ADE 算法优化的木材单板染色全光谱配色模型研究

魏艳秀 管雪梅 李文峰 黄青龙

(东北林业大学机电工程学院, 黑龙江 哈尔滨 150040)

**摘要:** 采用自适应的交叉因子与变异因子在增强全局搜索能力的同时提高收敛速度, 通过循环迭代取值的方法确定 Stearns–Noechel 模型中参数  $M$  的最优值。采用新模型对 8 组标准样进行染色配方预测, 以 CIEDE 2000 色差评价标准对实验结果进行评价。结果表明: 基于 ADE 优化模型预测染色配方得到的拟合样与标准样间  $\Delta E_{00}$  均小于 3; 迭代次数是遗传算法的 13.04%, 差分进化算法的 50.00%, 寻优速度更快; 对于标准样 1, 新模型预测配方得到拟合样与标准样间  $\Delta E_{00}$  约为最小二乘法、遗传算法和差分进化算法优化模型的 1/5、1/3 与 1/2, 预测精度更高, 说明了新模型在染色木材单板全光谱配色方面具有较高的使用价值。

**关键词:** Stearns–Noechel 模型; 自适应差分进化算法; 超定方程组; 全光谱配色; 木材单板; 木材材色

中图分类号: F302.3

文献标志码: A

文章编号: 2095–1914(2021)02–0125–08

## Optimization of Full-spectrum Color Matching Model of Wood Veneer Dyeing Based on ADE Algorithm

Wei Yanxiu, Guan Xuemei, Li Wenfeng, Huang Qinglong

(College of Mechanical and Electrical Engineering, Northeast Forestry University, Harbin Heilongjiang 150040, China)

**Abstract:** The adaptive crossover factor and mutation factor are used to enhance the global search ability and improve the convergence speed. The optimal value of the parameter  $M$  in the Stearns–Noechel model is determined by the method of loop iteration. The new model was used to predict the dyeing formula of 8 groups of standard samples, and the experimental results were evaluated by the CIEDE2000 color difference evaluation standard. The experimental results show that the  $\Delta E_{00}$  between the fitted sample and the standard sample obtained by predicting the dyeing formula based on the ADE algorithm optimization model is less than 3. The number of iterations is 13.04% of the genetic algorithm and 50.00% of the differential evolution, and the optimization speed is faster. For standard sample 1, the new formula predicts that the  $\Delta E_{00}$  between the fitted sample and the standard sample is about 1/5, 1/3, and 1/2 of the least squares, GA and DE algorithm optimization models, the prediction accuracy is higher, which shows that the new model has higher value in the full spectrum color matching of dyed wood veneer.

**Key words:** Stearns–Noechel model; adaptive differential evolution algorithm; over determined systems; full-spectrum color matching; wood veneer; wood color

收稿日期: 2019–12–23; 修回日期: 2020–03–08

基金项目: 哈尔滨创新人才研究基金 (2013RBFQXJ138) 资助。

第 1 作者: 魏艳秀 (1995—), 男, 硕士研究生。研究方向: 木材物理与智能决策交叉学科。Email: yanxiu\_nefu0808@163.com。

通信作者: 管雪梅 (1980—), 女, 博士, 副教授, 硕士生导师。研究方向: 木材物理与智能决策交叉学科。  
Email: 15636071929@163.com。

木材材色是决定木制品价值的重要因素,为了提高木制品的装饰作用和产品价值,对木材及木质材料进行适当的材色改进十分重要,通过染色技术改良劣质材、仿制优质材,从而全面提高木材的价值,满足人们对色彩多样性的需求。木材染色中一个十分重要环节就是配色,其对染色后木材的材色质量至关重要<sup>[1-2]</sup>。采用人工配色,其对配色人员的素质要求较高,既费时又难以适应现代工业生产的要求,且成本高、准确性差。有学者提出将计算机配色的方法用于木材染色中加快染料配方生成的速度,提高工作效率,节约成本<sup>[3]</sup>。然而,计算机配色技术为纺织业的配色而研制,利用库贝尔卡-芒克理论对测得的颜色相关量进行计算,采用了大量的假设,自适应能力差,难于精确获得木材染色这类影响因素较多,过程变化复杂的染色配方。近年来,有学者将神经网络等智能算法应用于木材染色计算机配色模型的建立中,取得了一定的效果<sup>[4]</sup>。但仅从标准观察者与施照态条件下进行了配方的预测,染色木材单板存在的同色异谱现象亟待解决。

物体表面的光谱反射率是表征物体表面颜色的固有属性,根据该原则,Stearns-Noechel 光学模型在计算机配色应用中具有较高的配色精度,有效地解决了配色过程中存在的同色异谱现象。但由于在全光谱波段进行预测,方程组规模特别巨大,但在配色过程中染料组分的数量通常不超过5,导致染料配方预测模型是病态且超定的,无法获得预测配方精确解。马崇启等<sup>[5]</sup>中针对混色纱线配色问题采用传统的LS法对超定方程组进行求解,但随着染料种类的增加以及光谱分辨率的提高,方程规模非常巨大,常规的解法会消耗大量的时间与内存,而且LS方法获得的模糊

度浮点解与真值相差较大,严重影响了预测精度<sup>[6]</sup>。宋从威等<sup>[7]</sup>提出了一种基于主成分分析的快速降维算法求解印染行业中的线性超定方程组,虽然缩短了计算时间,但在主成分增多时会导致算法结果不稳定。随着智能算法的兴起,将差分进化算法(DE)应用于优化求解过程逐渐成为研究热点。DE是一种基于优胜劣汰的自然选择原理对种群中的个体进行淘汰和保留的算法,算法本身具有一定的自组织、自学习与自适应的特点,但也不可避免的存在陷入局部最优解和搜索停滞的问题<sup>[8]</sup>。本研究通过对DE的变异因子和交叉因子进行改进,提出了一种自适应差分进化算法,使其随着迭代过程自适应变化,避免陷入局部最优解以及搜索停止问题,提高病态超定方程组解算精度,进而提高染色配方预测精度。

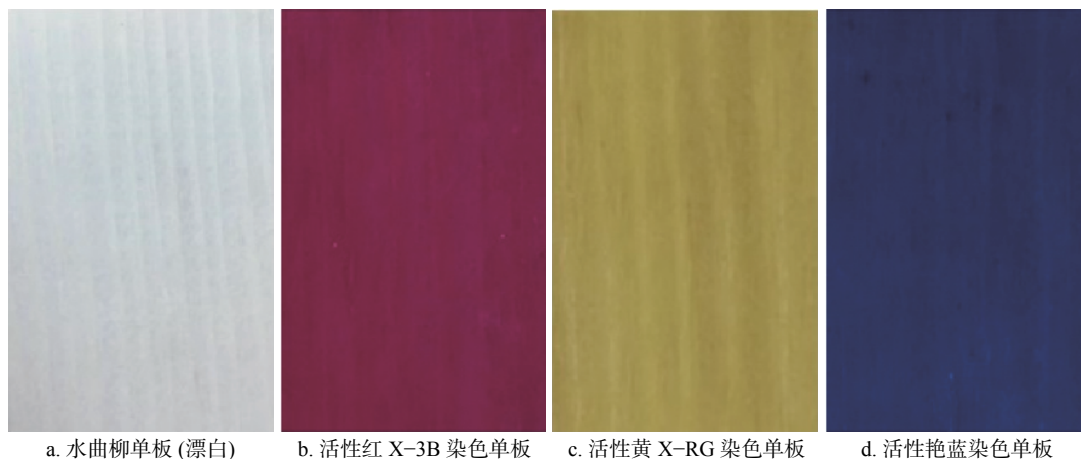
## 1 实验材料和仪器

### 1.1 材料

选取水曲柳(*Fraxinus mandshurica*)单板为染色基材,购于黑龙江省哈尔滨市,气干旋切制成规格为60 mm×40 mm×0.5 mm的单板,干燥至含水率8%。

木材染色染料:活性红X-3B染料、活性黄X-RG染料、活性艳蓝染料,购于黑龙江省哈尔滨市。染色渗透剂JFC、固色剂(无水碳酸钠)、促染剂(无水乙酸)均购于北京化工厂,均为分析纯。

根据郭明辉等<sup>[9]</sup>中的染色工艺选取单位浓度的活性红X-3B染料、活性艳蓝染料、活性黄X-RG染料制备单一染料组分染色材,水曲柳单板及单一染料组分染色单板如图1所示。



a. 水曲柳单板(漂白)      b. 活性红 X-3B 染色单板      c. 活性黄 X-RG 染色单板      d. 活性艳蓝染色单板

图1 漂白水曲柳单板及单一组分染料染色单板

Fig. 1 Bleached veneer of ash and single component dyed veneer

标准样的染色基材选用水曲柳单板，将活性红 X-3B 染料、活性艳蓝染料、活性黄 X-RG 染料按比例进行组合，共得到 36 组染色方案，去掉其中相同比例的 28 组染色方案后，采用余下的 8 组染色方案用来制备标准样，染料比例如表 1 所示。

表 1 制备标准样染料比例

Table 1 Preparation of standard sample dye ratio

试样编号	R-Y-B染料比例	试样编号	R-Y-B染料比例
1	1 : 1 : 8	5	2 : 2 : 6
2	1 : 2 : 7	6	2 : 3 : 5
3	1 : 3 : 6	7	2 : 4 : 4
4	1 : 4 : 5	8	3 : 3 : 4

注：R为活性红，Y为活性黄，B为活性艳蓝。

## 1.2 仪器

在颜色测量仪器选取中，通常采用 RGB 原理的彩色相机或分光光度计进行测量，但是彩色相机颜色感知精度较低，分光光度计虽具有较高的感知精度但仅能用于单点测量。高光谱成像技术具有高光谱分辨率，可实现成像与测谱同步进行。故本研究选用 SPECIM 高光谱成像工作站（SPECIM 公司，芬兰）进行颜色测量，其搭载 VNIR-FX10 相机，配备双卤素灯线性光源（400 ~ 2 500 nm）主要工作参数见表 2。

表 2 SPECIM 高光谱成像工作站工作参数

Table 2 SPECIM hyperspectral imaging workstation operating parameters

工作参数	参数值
光谱范围	400 ~ 1 000 nm
扫描速度	65 mm/s
成像速度	330 ~ 9 900 Hz
视场	38°
空间分辨率	1 024

SPECIM 高光谱成像工作站将可见光近红外光谱技术与高分辨率成像相结合，采用推扫式成像技术对实验样品进行逐线全波段光谱采集并同步生成图像，图像中每一像素点都记录了其对应实验样品颜色信息的光谱特征，适用于对实验样品颜色特征进行定性、定量分析。SPECIM 高光谱成像工作站工作方式如图 2 所示。实验中标准样本对单点的光谱反射率进行 3 次测量取其平均值，单一组分染料染色材及拟合样本在其正反面

各取 6 点测量取其平均值，在 400 ~ 700 nm 波段内，步长 5 nm 进行取值，得到共 61 个波长下的光谱反射率。

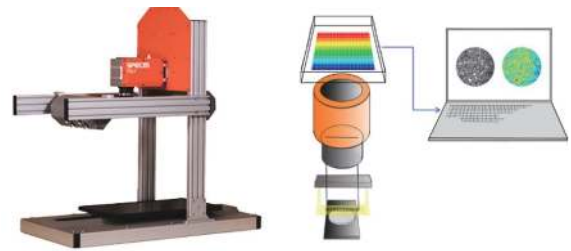


图 2 SPECIM FX10 高光谱成像工作站及其成像方式

Fig. 2 SPECIM FX10 hyperspectral imaging workstation and its imaging method

## 2 实验模型与研究方法

### 2.1 Stearns-Noechel 模型

木材单板染色计算机配色技术主要是研究多染料组分混合配色的光学模型和单一染料组分配比的配色算法。章斐燕等<sup>[10]</sup>通过单一组分的反射率与混合比例乘积的加和方法求出混合组分反射率的加和公式。但混合组分染料反射率和单一组分染料的配比关系是非线性的，在参考文献[10]的理论基础上引入中间函数 $f[R(\lambda)]$ ，使式(1)成立。

$$f[R_{\text{混}}(\lambda)] = \sum_i x_i f[R_i(\lambda)] \quad (1)$$

式中： $R_{\text{混}}(\lambda)$ 表示波长为 $\lambda$ 时混合染料染色单板的反射率； $R_i(\lambda)$ 表示第 $i$ 组分染料染色单板在波长为 $\lambda$ 时的反射率； $x_i$ 表示第 $i$ 组分染料在混合染料中的质量配比，实际生产中， $x_i$ 应满足 $\sum_i x_i = 1$ 。

Stearns 等<sup>[11]</sup>基于前人研究基础，通过实验验证建立了混合组分反射率计算经验公式，被称为 Stearns-Noechel 模型，如式(2)所示

$$f[R(\lambda)] = \frac{1 - R(\lambda)}{M[R(\lambda) - 0.01] + 0.01} \quad (2)$$

式中：根据 Stearns 等<sup>[11]</sup>的研究并结合木材单板染色特点， $M$ 为与染料性质和染色基材性质有关的可变常量； $R(\lambda)$ 表示波长为 $\lambda$ 时的反射率。

根据式(2)，可得出 $R(\lambda)$ 与 $f[R(\lambda)]$ 间的转换关系如式(3)所示

$$R(\lambda) = \frac{0.01(M-1)f[R(\lambda)] + 1}{Mf[R(\lambda)] + 1} \quad (3)$$

木材染色单板反射光谱是唯一决定其表面颜色的因素。当前常用的计算机配色方法为三刺激值匹配法，但染色得到的拟合样的反射光谱和标准样并不一致，而是利用同色异谱理论进行配色

的,所染单板在测色阶段施照态和观察者两个角度与配色阶段环境条件不符时,等色即被破坏,从而出现色差。为达到更高的染色品质,实现木材染色单板与标样间的无条件匹配,根据参考文献[2]中所提出的全光谱匹配方法,使标样与拟合样的光谱反射率完全相同,如式(4)所示。

$$R_{\lambda}^{\text{Standard}} \approx R_{\lambda}^{\text{Fitting}} \quad (4)$$

式中:  $R_{\lambda}^{\text{Standard}}$  为波长  $\lambda$  时标准样的反射率;  $R_{\lambda}^{\text{Fitting}}$  为波长  $\lambda$  时的拟合样的反射率。

选取活性红 X-3B、活性艳蓝、活性黄 X-RG3 种染料求解染色配方  $x_i$ , 选择波长 400~700 nm 波段, 每间隔 5 nm 进行测量取值。根据式(1)、(4)可以得到式(5)~(6)。

$$F^{(\text{Standard})} \approx F^{(\text{Fitting})} \quad (5)$$

$$F^{(\text{Standard})} \approx F \times X \quad (6)$$

其中,标准样光谱反射率矩阵如式(7),拟合样光谱反射率矩阵如式(8),单色染色单板光谱反射率矩阵如式(9),染料组分质量比例矩阵如式(10)。根据全光谱匹配定义,存在式(11)。由于在实际生产中,  $x_i$  应满足  $\sum x_i = 1$ , 故需要对根据式(11)求得的染色配方进行归一化处理,为满足各组分质量比之和为 1, 如式(12)。归一化后反射率满足式(13)。

$$F^{(\text{Standard})} = \begin{bmatrix} f(R_{400}^{\text{Standard}}) \\ f(R_{405}^{\text{Standard}}) \\ \vdots \\ f(R_{700}^{\text{Standard}}) \end{bmatrix} \quad (7)$$

$$F^{(\text{Fitting})} = \begin{bmatrix} f(R_{400}^{\text{Fitting}}) \\ f(R_{405}^{\text{Fitting}}) \\ \vdots \\ f(R_{700}^{\text{Fitting}}) \end{bmatrix} \quad (8)$$

$$F = \begin{bmatrix} f(R_{400}^1) & f(R_{400}^2) & f(R_{400}^3) \\ f(R_{405}^1) & f(R_{405}^2) & f(R_{405}^3) \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ f(R_{700}^1) & f(R_{700}^2) & f(R_{700}^3) \end{bmatrix} \quad (9)$$

$$X = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{bmatrix} \quad (10)$$

$$f(R_{\lambda}^{\text{Standard}}) \approx f(R_{\lambda}^{\text{Fitting}}) = x_1 f(R_{\lambda}^1) + x_2 f(R_{\lambda}^2) + x_3 f(R_{\lambda}^3) \quad (11)$$

$$x'_1 = \frac{x_1}{x_1 + x_2 + x_3} \quad (12)$$

$$x'_2 = \frac{x_2}{x_1 + x_2 + x_3}$$

$$x'_3 = \frac{x_3}{x_1 + x_2 + x_3}$$

$$f(R_{\lambda}^i) = x'_1 f(R_{\lambda}^1) + x'_2 f(R_{\lambda}^2) + x'_3 f(R_{\lambda}^3) \quad (13)$$

## 2.2 自适应差分进化算法优化全光谱配色模型

当  $\lambda = 400, 405, \dots, 700$  时, 根据线性代数理

论, 显然式(6)没有精确解, 属于超定方程组求解问题, 本研究提出一种采用 ADE 算法求解超定方程组优化 Stearns-Noechel 模型, 实现木材单板染色的全光谱配色。

DE 的基本思路是, 取 2 个个体之间的差分向量, 将这个差分向量的 1 个加权形式加到第 3 个个体上从而产生 1 个新的候选解。DE 由 Storn 等<sup>[12]</sup>提出, 全局寻优能力强、收敛速度快并具有良好的鲁棒性。DE 的主要步骤如下:

1) 设置种群规模  $N$ 、最大进化代数 (Max-Iter)、变异因子 ( $F$ ) 和交叉因子 ( $CR$ ) 等参数, 初始化种群。

2) 变异操作: 随机选出  $x_{r_2}$  和  $x_{r_3}$  2 个个体, 其中  $r_2 \neq r_3$ , 将这 2 个个体之间的差的伸缩形式加到第 3 个随机选择出的个体  $x_{r_1}$  中,  $r_1 \notin \{r_2, r_3\}$ 。进而获得 1 个可能被候选解种群接收的变异  $v_i$ 。

$$v_i = x_{r_1} + F(x_{r_2} - x_{r_3}) \quad (14)$$

3) 交叉操作: 建立变异因子  $v_i$  后,  $v_i$  与 1 个差分进化个体  $x_i$  交叉, 得到试验向量  $u_i$ , 对于染色体  $j \in [1, n]$ ,  $u_i$  的第  $j$  个分量  $u_{ij} = \begin{cases} v_{ij}, & r_{cj} < CR \text{ 或 } j = j_{rand} \\ x_{ij}, & \text{Otherwise} \end{cases}$ , 其中  $v_{ij}$  是  $v_i$  的第  $j$  个分量,  $r_{cj}$  是  $[0, 1]$  上均匀分布的随机数,  $j_{rand}$  是  $[1, n]$  上均匀分布的 1 个随机整数,  $x_{ij}$  是  $x_i$  的第  $j$  个分量。

4) 选择操作: 在生成  $N$  个试验向量  $u_i$  后比较向量  $u_i$  和  $x_i$ , 在每对  $(u_i, x_i)$  中选择适应性更强的向量作为差分进化的下一代。

通过对 DE 的分析与介绍可以得到算法流程图如图 3 所示。

在 DE 中, 变异因子  $F$  和交叉因子  $CR$  的设置依赖于实际问题, 通常情况下  $F \in [0.4, 0.9]$  和  $CR \in [0.1, 1]$ ,  $F$  的最优值一般与种群规模  $N$  的平方根成反比,  $CR$  的最优值一般随着目标函数的可分离性减小<sup>[13]</sup>。交叉因子  $CR$  控制着  $u_i$  的每一个分量来自变异向量  $v_i$  的可能性, 变异因子  $F$  决定了差分向量对变异向量的影响。当  $F$  与  $CR$  取值大时, 全局搜索能力较强, 取值小时, 收敛速度较快, 为权衡全局搜索能力与收敛速度, 获取最优算法性能。本研究采用自适应的变异因子和交叉因子改进 DE, 如式(15)所示。

$$F^* = \begin{cases} 2 \left| \cos \left( \frac{3}{4} \pi \frac{N_i}{N_{\max}} \right) \right|, & N_i \leq \frac{2}{3} N_{\max} \\ 16 \left[ e^{\left( \frac{N_{\max} - N_i}{2N_{\max}} \right)^3} \right], & N_i > \frac{2}{3} N_{\max} \end{cases} \quad (15)$$

$$CR^* = \frac{4}{5} - \frac{1}{2} \cos \left( \frac{\pi N_i}{2N_{\max}} \right)$$

式中： $N_i$ 表示当前迭代次数， $N_{\max}$ 表示最大迭代次数。自适应变异因子 ( $F^*$ ) 可以使算法在迭代前期具有良好的全局搜索能力，自适应交叉因子 ( $CR^*$ ) 使算法在迭代后期快速收敛并具有更高的计算精度，保证了在超定方程求解过程中的计算效率与计算精度。

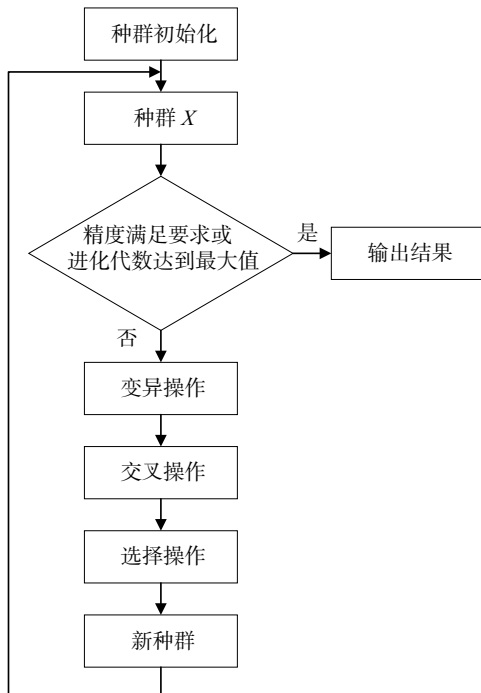


图 3 DE 流程图

Fig. 3 DE algorithm flowchart

ADE 具体步骤如下：

1) 设置种群规模  $N$ 、最大进化代数 (Max-Iter)，进行种群初始化。

2) 判断  $N_i$  是否小于  $N_{\max}$ ，是则进入循环，否则输出最优解，记录个体位置。

3) 变异操作：采用如式 (15) 所示的自适应变异因子  $F^*$  进行变异操作，在种群中随机选出  $x_{r_2}$  和  $x_{r_3}$  2 个个体，其中  $r_2 \neq r_3$ ，将这 2 个个体之间的差的伸缩形式加到第 3 个随机选择出的个体  $x_{r_1}$  中， $r_1 \notin \{r_2, r_3\}$ 。进而获得 1 个可能被候选解种群接收的变异  $v_i$ 。

$$v_i = x_{r_1} + F^*(x_{r_2} - x_{r_3}) \quad (16)$$

4) 交叉操作：建立变异因子  $v_i$  后， $v_i$  与 1 个差分进化个体  $x_i$  交叉，得到试验向量  $u_i$ ，对于染色体  $j \in [1, n]$ ， $u_i$  的第  $j$  个分量  $u_{ij} = \begin{cases} v_{ij}, & r_{cj} < CR^* \text{ 或 } j = j_{rand} \\ x_{ij}, & \text{Otherwise} \end{cases}$ ，其中  $v_{ij}$  是  $v_i$  的第  $j$  个分量， $r_{cj}$  是  $[0, 1]$  上均匀分布的随机数， $j_{rand}$  是  $[1, n]$  上均匀分布的 1 个随机整数， $x_{ij}$  是  $x_i$  的第  $j$  个分量， $CR^*$  是自适应交叉因子。

5) 选择操作：在生成  $N$  个试验向量  $u_i$  后比较向量  $u_i$  和  $x_i$ ，在每对  $(u_i, x_i)$  中选择适应性更强的向量作为差分进化的下一代。

6) 判断全局最优解精度是否满足要求，是则输出结果，否则转入步骤 2) 继续执行。

通过对 ADE 算法的分析与介绍可以得到算法流程图如图 4 所示。

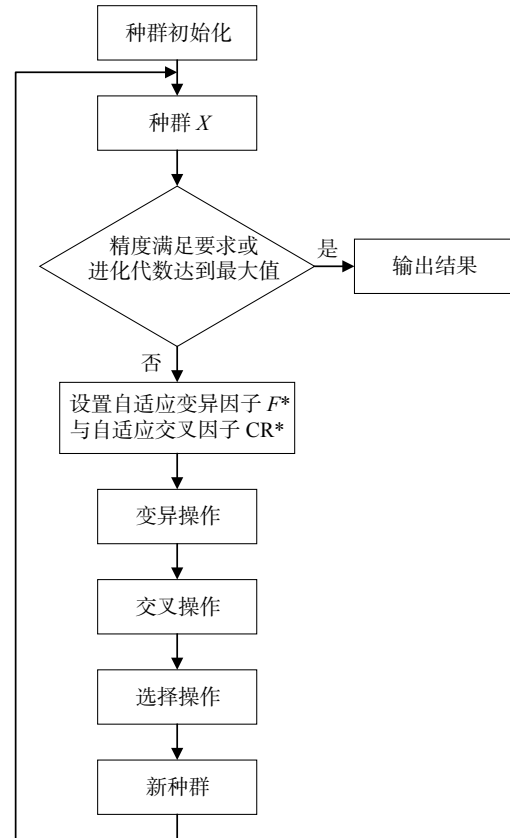


图 4 ADE 算法流程图

Fig. 4 ADE algorithm flowchart

### 2.3 参数 M 最优值选取

$M$  值作为 Stearns–Noechel 模型中的唯一可变参量，合理选取  $M$  值对达到标准样与拟合样颜色最优匹配具有重要意义。传统选取  $M$  值的方法是已知混色样品配方，将单组分样品反射率以及质量分数代入 Stearns–Noechel 模型中反推  $M$  值，通过匹配实验，选取所有试样平均色差最小时的  $M$  值为最优值<sup>[14]</sup>。韩瑞叶等<sup>[15]</sup> 和沈加加等<sup>[16]</sup> 研究发现模型参数  $M$  与波长在部分波段存在线性相关，采用数据拟合的方法建立最优  $M$  值与波长的线性相关方程，增加了模型的预测能力，但采取这种方式的最优  $M$  值并不适用于所有的实验样本，依然对拟合样的匹配造成了一定的误差。本研究采用王泉等<sup>[17]</sup> 提出的循环迭代取值方法求取最优  $M$  值，经过针对木材单板配色最优  $M$  值采

用反推法进行多次实验的基础上, 确定  $M$  通常取值范围为  $[0, 1]$ , 设置初始值  $M_0=0$ , 步长为 0.01 循环迭代计算  $M$  值, 选取色差最小时的  $M$  值作为最优  $M$  值, 求得 8 组混合比例标准样最小色差

时的  $M$  值为 0.21。

综上, 本研究提出的基于 ADE 算法优化 Stearns-Noechel 模型的单板染色全光谱配色过程见图 5。

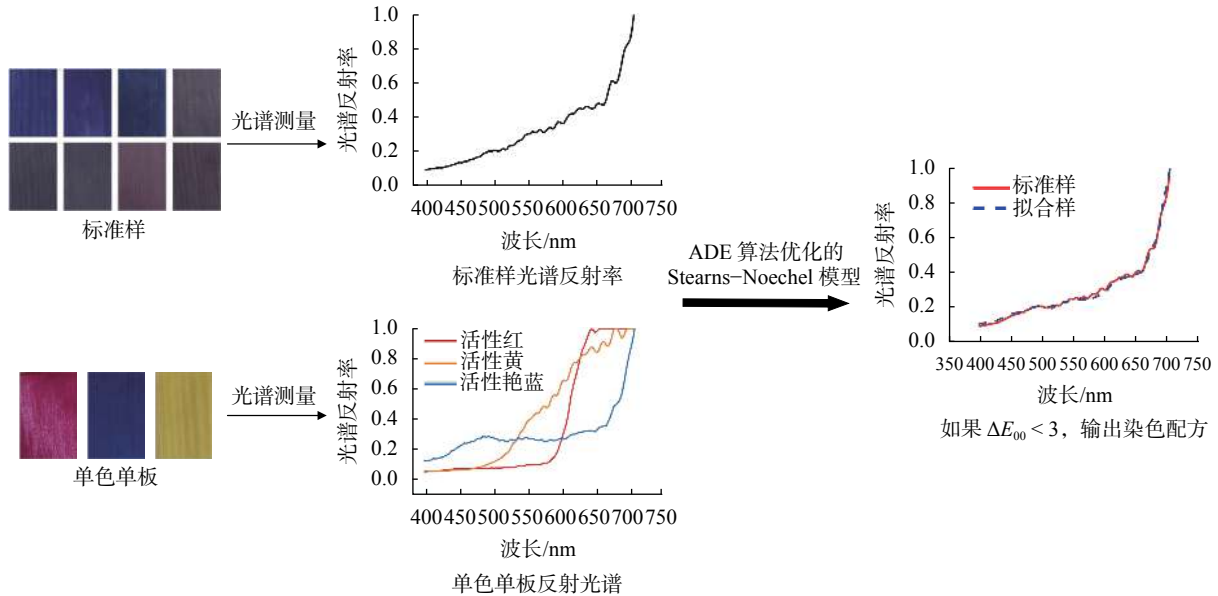


图 5 基于 ADE 算法优化的木材单板染色全光谱配色过程

Fig. 5 Full-spectrum color matching process of wood veneer dyeing based on ADE algorithm

### 3 实验结果与分析

为验证本研究提出方法的有效性, 根据以上流程设计实验。采用 SPECIM FX10 高光谱成像工作站分别采集单组分染料染色单板及标准样的反射光谱曲线如图 6 所示。通过软件 ENVI 4.8 在 400 ~ 700 nm 波段每隔 5 nm 进行取值, 进而得到单色染色单板光谱反射率矩阵 ( $F$ ) 与标准样光谱反射率矩阵 ( $F^{(Standard)}$ ), 以标准样 1 为例, 采用 ADE 算法对式 (6) 进行求解。

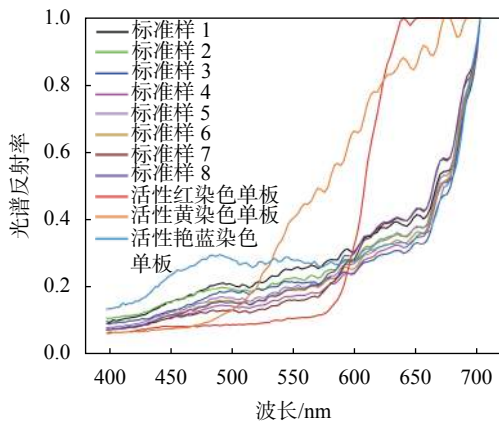


图 6 单色染色单板及标准样的反射光谱曲线

Fig. 6 Reflectance spectrum curves of single component dyed veneers and standard samples

设置种群规模=50, 最大迭代次数=100, 传统 DE 算法中, 变异因子=0.5 和交叉因子=0.9, ADE 算法中变异因子及交叉因子按式 (15) 自适应选择。

为保证实验结果的可靠性, 减少由于智能算法采用随机搜索带来的误差, 取 100 次优化结果平均值作为最终结果, 并与 LS 法、GA 算法、DE 解算结果进行对比, 以 CIEDE2000 色差 ( $\Delta E_{00}$ ) 为解算精度评价标准, 结果如表 3 所示。采用 ADE 优化全光谱配色模型对 8 组拟合样染色配方进行预测, 并根据预测结果进行拟合样染色, 预测配方及拟合样与标准样对比结果如表 4 所示。

根据表 3, 利用 ADE 求解染色配方得到的拟合样与标准样 1 的色差最小, 与传统的 LS 法、GA 和基本 DE 相比, 色差分别约为 1/5、1/3、1/2。其中, 利用 LS 法求解染色配方得到的拟合样与标准样 1 间的色差较大, 产生的色差人眼可以分辨。

通过表 4 可以得出, 8 组实验标准样与拟合样的明度差绝对值均值为 1.15, 拟合样与标准样明度相近, 其中第 1、4、6 组明度差为负值, 表

明拟合样颜色略深于标准样，第 2、3、5、7、8 组明度差为正值，表明拟合样颜色略浅于标准样；8 组实验标准样与拟合样的彩度差绝对值均值为 1.6875，拟合样与标准样颜色纯度相近；8 组实验标准样与拟合样的色差均值为 2.09，其中第 4 组拟合样与标准样的色差最大为 2.9，第 6 组拟合样与标准样的色差最小为 1.3，均满足木材染色单板生产颜色质量要求。

表 3 标准样 1 解算结果对比  
Table 3 Standard sample 1 solution comparison

计算方法	拟合样染色配方			$\Delta E_{00}$
	R	Y	B	
LS	0.062 7	0.190 7	0.746 6	11.7
GA	0.059 3	0.135 4	0.805 3	6.3
DE	0.062 2	0.184 3	0.753 5	3.9
ADE	0.051 1	0.166 4	0.782 5	1.9

注：R表示活性红，Y表示活性黄，B表示活性艳蓝。

表 4 ADE 优化全光谱配色模型预测结果

Table 4 ADE optimized full-spectrum color matching model prediction results

试样编号	比例			拟合样			标准样			$\Delta E_{00}$
	R	Y	B	$L'$	$C'_{ab}$	$h'_{ab}$	$L'$	$C'_{ab}$	$h'_{ab}$	
1	0.051 1	0.166 4	0.782 5	28.4	22.8	293.0	30.5	21.2	295.3	1.9
2	0.112 8	0.196 3	0.690 9	31.2	20.5	300.3	29.8	22.0	300.7	1.4
3	0.106 7	0.331 8	0.561 5	30.3	8.5	320.6	28.6	10.4	310.6	2.4
4	0.097 2	0.362 7	0.540 1	30.6	17.8	307.2	31.7	15.0	316.1	2.9
5	0.224 1	0.187 4	0.588 5	32.4	22.7	303.6	31.4	19.2	305.2	2.0
6	0.235 8	0.320 3	0.443 9	31.6	18.9	306.5	31.9	19.3	304.1	1.3
7	0.197 6	0.386 4	0.416 0	29.4	23.1	334.4	28.5	24.7	329.5	2.0
8	0.314 7	0.287 6	0.397 7	30.4	21.8	327.8	29.7	21.6	319.5	2.8

基于 Matlab 2016a 平台，分别使 GA、DE、ADE 迭代次数满足搜索到最优解的要求，得到不同进行解算优化过程曲线如图 7 所示。其中，GA 迭代次数约为 230，DE 迭代次数约为 60，ADE 迭代次数约为 30。可见基于 ADE 优化 Stearns-Noechel 模型的木材单板染色全光谱配色可以高效解算出精准的染色配方。

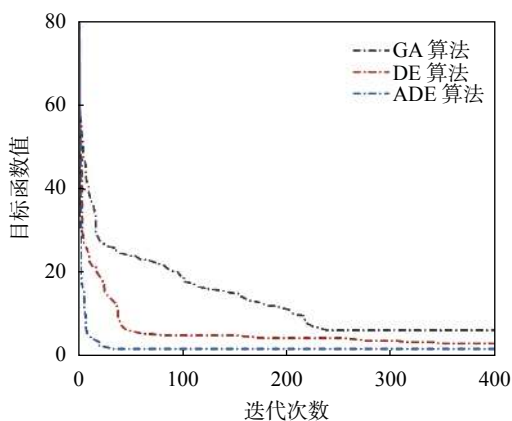


图 7 不同算法优化过程曲线  
Fig. 7 Different algorithm optimization process curves

#### 4 结论

通过高光谱成像技术对染色木材单板进行反射光谱采集，采用 ADE 优化 Stearns-Noechel 全

光谱配色模型，并通过循环迭代法选取模型中 M 参数的最优值。将 ADE 的计算结果与其他优化算法的计算结果进行对比，可以看出，通过循环迭代法在 [0, 1] 区间内确定染色木材单板配方预测模型中参数 M 的最优值为 0.21。通过采用不同优化算法对标准样 1 进行配方预测，LS、GA、DE 和 ADE 预测配方得到的拟合样与标准样间的色差分别为 11.7、6.3、3.9 和 1.9，结果表明，ADE 优化模型得到的配方具有更高的预测精度。采用 ADE 优化模型对 8 组标准样进行配方预测，得到拟合样与标准样色差分别为 1.9、1.4、2.4、2.9、2.0、1.3、2.0、2.8，色差均小于 3，颜色差异人眼不可辨识。GA 与 DE 分别在迭代 230 次与 60 次时搜索到最优解，而 ADE 搜索到最优解的迭代次数仅为 30 次，结果表明，相同条件下，ADE 的寻优效率更高。

综上，基于 ADE 优化的染色木材单板全光谱配色模型可以有效地预测染色配方，且具有较高的计算效率与预测精度，满足染色木材单板颜色质量要求。

#### [参 考 文 献]

[1] 蔡绍祥, 王新洲, 李延军. 高温水热处理对马尾松木



- 材尺寸稳定性和材色的影响[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2019, 39(1): 160-165.
- [2] 秦磊, 卢丹钰, 何海珊, 等. PEG 加固处理木质遗存变色的原因探析[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2018, 38(5): 173-179.
- [3] Liu W, Yu Z M, Li W Z. Preliminary study on application of computer color matching technique for wood dyeing[J]. Key Engineering Materials, 2011(476/474): 1228-1232.
- [4] Guan X M, Fan F X, Zhu Y R, et al. Application of RBF neural network optimized globally by genetic algorithm in intelligent color matching of wood dyeing[J]. Journal of Intelligent & Fuzzy Systems, 2017, 33(5): 2895-2901.
- [5] 马崇启, 程璐, 金晓, 等. Stearns-Noechel 模型的全光谱纱线配色算法[J]. 光谱学与光谱分析, 2018, 38(8): 2488-2492.
- [6] 纪元法, 朱亮亮, 孙希延, 等. 差分进化算法结合正则化解算病态方程[J]. 系统工程与电子技术, 2018, 40(7): 1573-1577.
- [7] 宋丛威, 张晓明. 基于 PCA 的解大型超定线性方程组快速算法及应用[J]. 智能计算机与应用, 2019, 9(4): 91-95.
- [8] Zhang H F, Zhou J Z, Zhang Y C, et al. Short term hydrothermal scheduling using multi-objective differential evolution with three chaotic sequences[J]. International Journal of Electrical Power & Energy Systems, 2013, 47(1): 85-99.
- [9] 郭明辉, 管雪梅. 桦木单板仿珍贵材三刺激值配色技术[J]. 林业科学, 2010, 46(9): 130-135.
- [10] 章斐燕, 李启正, 张声诚, 等. 基于 Stearns-Noechel 优化模型的交织混色织物配色设计系统[J]. 丝绸, 2015, 52(1): 26-30.
- [11] Stearns E I, Noechel F. Spectrophotometric prediction of color of wool blends[J]. American Dyestuff Reporter, 1994, 33(9): 177-180.
- [12] Storn R, Price K. Differential evolution: a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces[J]. Journal of Global Optimization, 1997, 11(4): 341-359.
- [13] 丁青锋, 尹晓宇. 差分进化算法综述[J]. 智能系统学报, 2017, 12(4): 431-442.
- [14] Burlone D A. Theoretical and practical aspects of selected fiber-blend color formulation functions[J]. Color Research & Application, 1984, 9(4): 213-219.
- [15] 韩瑞叶, 杨瑞华, 薛元, 等. 数码转杯纺的 Stearns-Noechel 配色模型[J]. 纺织学报, 2017, 38(12): 27-32, 42.
- [16] 沈加加, 程凤侠, 陈维国, 等. Stearns-Noechel 模型优化及毛条混色配色系统开发[J]. 纺织学报, 2009, 30(3): 121-125.
- [17] 王泉, 姚佳, 李艳清, 等. Stearns-Noechel 模型在天然彩色棉混色中的应用[J]. 纺织学报, 2016, 37(1): 93-97.

(责任编辑 冯 雪)

