

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 特 許 公 報(B2)

(11) 特許番号

特許第5734519号
(P5734519)

(45) 発行日 平成27年6月17日(2015.6.17)

(24) 登録日 平成27年4月24日(2015.4.24)

(51) Int.Cl. F I
G 1 O L 19/035 (2013.01) G I O L 19/035 A

請求項の数 30 (全 50 頁)

(21) 出願番号	特願2014-521423 (P2014-521423)	(73) 特許権者	000004226
(86) (22) 出願日	平成25年6月14日 (2013.6.14)		日本電信電話株式会社
(86) 国際出願番号	PCT/JP2013/066438		東京都千代田区大手町一丁目5番1号
(87) 国際公開番号	W02013/187498	(74) 代理人	100121706
(87) 国際公開日	平成25年12月19日 (2013.12.19)		弁理士 中尾 直樹
審査請求日	平成26年7月23日 (2014.7.23)	(74) 代理人	100128705
(31) 優先権主張番号	特願2012-135373 (P2012-135373)		弁理士 中村 幸雄
(32) 優先日	平成24年6月15日 (2012.6.15)	(74) 代理人	100147773
(33) 優先権主張国	日本国(JP)		弁理士 義村 宗洋
		(72) 発明者	福井 勝宏
			東京都千代田区大手町一丁目5番1号 日
			本電信電話株式会社内
		(72) 発明者	日和▲崎▼ 祐介
			東京都千代田区大手町一丁目5番1号 日
			本電信電話株式会社内

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 符号化方法、符号化装置、復号方法、復号装置、プログラム及び記録媒体

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項1】

複数の入力信号サンプルにより構成される、フレーム単位の入力信号系列を符号化する符号化方法において、

上記入力信号系列に含まれる各入力信号サンプルが正規化された信号による系列を符号化して得られる正規化信号符号と、上記正規化信号符号に対応する量子化正規化済み信号系列と、を得る正規化信号符号化ステップと、

上記入力信号系列に対応するゲインである量子化グローバルゲインと、上記量子化グローバルゲインに対応するグローバルゲイン符号と、を得るグローバルゲイン符号化ステップと、

上記量子化正規化済み信号系列を3つ以上の範囲に区分する区分ステップと、

各上記区分された範囲についての少なくとも1つのゲイン補正量で上記量子化グローバルゲインを補正して得られるゲインを上記各区分された範囲ごとに上記量子化正規化済み信号系列の各サンプルの値に乗算して得られる信号系列と上記入力信号系列との相関が最大又は誤差が最小となるゲイン補正量を特定するためのゲイン補正量符号を得るゲイン補正量符号化ステップと、

を有し、

上記区分ステップにおける上記量子化正規化済み信号系列の区分は、入力された区分対象範囲を2つの範囲に区分する二区分ステップにより行われ、

上記二区分ステップは、上記二区分ステップで得られる2つの区分された範囲にそれぞれ

れ対応する2つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行され、

第1回目の二区分ステップは、上記量子化正規化済み信号系列を上記区分対象範囲とすることにより行われ、第 2^n 回目 (n は1以上の各整数) から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップのそれぞれは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2^n 個の範囲のうちの何れか1つの範囲を上記区分対象範囲とすることにより行われる、

符号化方法。

【請求項2】

請求項1に記載の符号化方法であって、

上記二区分ステップにおける2つの範囲への区分は、

10

上記区分対象範囲の第1の範囲を、

(a)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和と、上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(b)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和と、上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(c)上記区分対象範囲の第1の範囲のサンプル数が、上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和が上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の2分の1以上となる最小のサンプル数になるように、

20

または、

(d)上記区分対象範囲の第1の範囲のサンプル数が、上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和が上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の2分の1以上となる最小のサンプル数になるように、

または、

(e)上記区分対象範囲の第1の範囲のサンプル数が、上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和が上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の2分の1以下となる最大のサンプル数になるように、

または、

(f)上記区分対象範囲の第1の範囲のサンプル数が、上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和が上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の2分の1となる最大のサンプル数になるように、

30

求め、

上記区分対象範囲のうちの第1の範囲以外の範囲を、上記区分対象範囲の第2の範囲とすることで、2つの範囲に区分することにより行なわれる、

符号化方法。

【請求項3】

請求項1に記載の符号化方法であって、

上記二区分ステップにおける2つの範囲への区分は、

上記区分対象範囲の第1の範囲を、

40

(a)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数と、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(b)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいサンプルの個数と、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいサンプルの個数の2分の1と、が最も近づくように、

または、

または、

50

(c)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数が、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1以上となる最小のサンプル数となるように、

または、

(d)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいサンプルの個数が、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1以上となる最小のサンプル数となるように、

または、

(e)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数が、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1以下となる最大のサンプル数となるように、

または、

(f)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいサンプルの個数が、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1以下となる最大のサンプル数となるように、

求め、

上記区分対象範囲のうちの第1の範囲以外の範囲を、上記区分対象範囲の第2の範囲とすることで、2つの範囲に区分することにより行なわれる、

符号化方法。

【請求項4】

請求項1から請求項3の何れかに記載の符号化方法であって、

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られた 2^n 個の範囲のうち、聴覚的な重要度が高い範囲から順に上記区分対象範囲とすることにより行なわれる、

符号化方法。

【請求項5】

請求項1から請求項3の何れかに記載の符号化方法であって、

上記入力信号系列は周波数領域の信号系列であり、

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られた 2^n 個の範囲のうち、周波数が低い範囲から順に上記区分対象範囲とすることにより行なわれる、

符号化方法。

【請求項6】

請求項1から請求項5の何れかに記載の符号化方法であって、

上記ゲイン補正量符号化ステップは、複数個のゲイン補正量の候補の中から上記相関が最大又は誤差が最小となるゲイン補正量を特定するステップであり、

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップで得られる2つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる2つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値よりも小さい、

符号化方法。

【請求項7】

請求項1から請求項5の何れかに記載の符号化方法であって、

ゲイン補正量候補ベクトルは、2個のゲイン補正量の候補で構成されており、

上記2つの区分された範囲は、それぞれその2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトルを構成する2個のゲイン補正量の候補に対応付けされており、

10

20

30

40

50

上記ゲイン補正量符号化ステップは、各2つの区分された範囲についての複数のゲイン補正量候補ベクトルの中から上記誤差を最小にするゲイン補正量候補ベクトルを特定するためのゲイン補正量符号を得るステップであり、

符号帳には、2個の値で構成される正規化ゲイン補正量候補ベクトルが複数格納されており、

上記2つの区分された範囲についての複数のゲイン補正量候補ベクトルは、上記符号帳に格納された正規化ゲイン補正量候補ベクトルを構成する2個の値のそれぞれにその2つの区分された範囲に対応する所定の係数を乗算することにより得られた2個の値により構成されるベクトルであり、

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップで得られる2つの区分された範囲に対応する所定の係数の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる2つの区分された範囲に対応する所定の係数の絶対値よりも小さい、

符号化方法。

【請求項8】

請求項1から請求項5の何れかに記載の符号化方法であって、

上記二区分ステップが行われる回数をDとして、ゲイン補正量候補ベクトルは、 $A = \sum_{d=1}^D 2^d$ として、A個のゲイン補正量の候補で構成されており、

上記二区分ステップで得られるA個の区分された範囲は、それぞれゲイン補正量候補ベクトルを構成するA個のゲイン補正量の候補に対応付けされており、

ゲイン補正量コードブックには、複数のゲイン補正量候補ベクトルが格納されており、

上記ゲイン補正量符号化ステップは、上記ゲイン補正量コードブックに格納された複数のゲイン補正量候補ベクトルの中から上記誤差を最小にするゲイン補正量候補ベクトルを特定するゲイン補正量符号を得るステップであり、

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップで得られる2つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる2つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値よりも大きい、

符号化方法。

【請求項9】

請求項1から請求項5の何れかに記載の符号化方法であって、

上記補正して得られるゲインは、上記各区分された範囲についての各ゲイン補正量と、上記量子化正規化済み信号系列の全てのサンプルの値の二乗和をその各ゲイン補正量に対応する範囲内の全てのサンプルの値の二乗和で除算した値とを乗算した値で上記量子化グローバルゲインを補正して得られる値である、

符号化方法。

【請求項10】

請求項1から請求項5の何れかに記載の符号化方法であって、

上記補正して得られるゲインは、上記各区分された範囲についての各ゲイン補正量と、上記量子化正規化済み信号系列のサンプルのエネルギーが所定値よりも大きいサンプルの個数をその各ゲイン補正量に対応する範囲内のサンプルのエネルギーが上記所定値よりも大きいサンプルの個数で除算した値とを乗算した値で上記量子化グローバルゲインを補正して得られる値である、

符号化方法。

【請求項11】

請求項1から請求項5の何れかに記載の符号化方法であって、

上記補正して得られるゲインは、上記各区分された範囲についてのゲイン補正量を各範囲ごとに加算した値と、上記量子化正規化済み信号系列の全てのサンプルの値の二乗和を上記各区分された範囲内の全てのサンプルの値の二乗和で除算した値とを乗算した値で上記量子化グローバルゲインを補正して得られる値である、

符号化方法。

10

20

30

40

50

【請求項 1 2】

請求項 1 から請求項 6 の何れかに記載の符号化方法であって、

上記補正して得られるゲインは、上記各区分された範囲についてのゲイン補正量を各範囲ごとに加算した値と、上記量子化正規化済み信号系列のサンプルのエネルギーが所定値よりも大きいサンプルの個数を上記各区分された範囲内のサンプルのエネルギーが上記所定値よりも大きいサンプルの個数で除算した値とを乗算した値で上記量子化グローバルゲインを補正して得られる値である、

符号化方法。

【請求項 1 3】

フレーム単位の符号を復号して出力信号系列を得る復号方法において、

上記符号に含まれる正規化信号符号を復号して復号正規化済み信号系列を得る正規化信号復号ステップと、

上記符号に含まれるグローバルゲイン符号を復号して復号グローバルゲインを得るグローバルゲイン復号ステップと、

上記復号正規化済み信号系列を 3 つ以上の範囲に区分する区分ステップと、

上記符号に含まれるゲイン補正量符号を復号して得られる各上記区分された範囲についての少なくとも 1 つのゲイン補正量で上記復号グローバルゲインを補正して得られるゲインを上記各区分された範囲ごとに上記復号正規化済み信号系列の各サンプルの値にを乗算して得られる信号系列を出力信号系列として得る復元ステップと、

を有し、

上記区分ステップにおける上記復号正規化済み信号系列の区分は、入力された区分対象範囲を 2 つの範囲に区分する二区分ステップにより行われ、

上記二区分ステップは、上記二区分ステップで得られる 2 つの区分された範囲にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行され、

第 1 回目の二区分ステップは、上記復号正規化済み信号系列を上記区分対象範囲とすることにより行われ、第 2^n 回目 (n は 1 以上の各整数) から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップのそれぞれは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2^n 個の範囲のうちの何れか 1 つの範囲を上記区分対象範囲とすることにより行われる、

復号方法。

【請求項 1 4】

請求項 1 3 に記載の復号方法であって、

上記二区分ステップにおける 2 つの範囲への区分は、

上記区分対象範囲の第 1 の範囲を、

(a) 上記区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和と、上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の 2 分の 1 と、が最も近づくように、

または、

(b) 上記区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和と、上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の 2 分の 1 と、が最も近づくように、

または、

(c) 上記区分対象範囲の第 1 の範囲のサンプル数が、上記区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和が上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の 2 分の 1 以上となる最小のサンプル数になるように、

または、

(d) 上記区分対象範囲の第 1 の範囲のサンプル数が、上記区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和が上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の 2 分の 1 以上となる最小のサンプル数になるように、

または、

(e) 上記区分対象範囲の第 1 の範囲のサンプル数が、上記区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和が上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の

10

20

30

40

50

2分の1以下となる最大のサンプル数になるように、
または、

(f)上記区分対象範囲の第1の範囲のサンプル数が、上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和が上記区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の2分の1以下となる最大のサンプル数になるように、
求め、

上記区分対象範囲のうちの第1の範囲以外の範囲を、上記区分対象範囲の第2の範囲とすることで、2つの範囲に区分することにより行なわれる、
復号方法。

【請求項15】

請求項13に記載の復号方法であって、
上記二区分ステップにおける2つの範囲への区分は、
上記区分対象範囲の第1の範囲を、

(a)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数と、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(b)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいサンプルの個数と、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいサンプルの個数の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(c)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数が、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1以上となる最小のサンプル数となるように、

または、

(d)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいサンプルの個数が、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1以上となる最小のサンプル数となるように、

または、

(e)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数が、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1以下となる最大のサンプル数となるように、

または、

(f)上記区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいサンプルの個数が、上記区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が上記所定値より大きいサンプルの個数の2分の1以下となる最大のサンプル数となるように、

求め、

上記区分対象範囲のうちの第1の範囲以外の範囲を、上記区分対象範囲の第2の範囲とすることで、2つの範囲に区分することにより行なわれる、

復号方法。

【請求項16】

請求項13から請求項15の何れかに記載の復号方法であって、

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られた 2^n 個の範囲のうち、聴覚的な重要度が高い範囲から順に上記

10

20

30

40

50

区分対象範囲とすることにより行なわれる、
復号方法。

【請求項 17】

請求項 13 から請求項 15 の何れかに記載の復号方法であって、
上記復号正規化済み信号系列は周波数領域の信号系列であり、
第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られた 2^n 個の範囲のうち、周波数が低い高い範囲から順に上記区分対象範囲とすることにより行なわれる、
復号方法。

【請求項 18】

請求項 13 から請求項 17 の何れかに記載の復号方法であって、
第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2 つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2 つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の絶対値よりも小さい、
復号方法。

【請求項 19】

請求項 13 から請求項 17 の何れかに記載の復号方法であって、
ゲイン補正量候補ベクトルは、2 個のゲイン補正量の候補で構成されており、
上記 2 つの区分された範囲は、それぞれその 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトルを構成する 2 個のゲイン補正量の候補に対応付けされており、
上記復元ステップは、各 2 つの区分された範囲についての複数のゲイン補正量候補ベクトルの中から上記符号に含まれるゲイン補正量符号により特定されるゲイン補正量候補ベクトルを選択し、その選択されたゲイン補正量候補ベクトルを構成するゲイン補正量を用いて上記出力信号系列を得るステップであり、
符号帳には、2 個の値で構成される正規化ゲイン補正量候補ベクトルが複数格納されており、

上記 2 つの区分された範囲についての複数のゲイン補正量候補ベクトルは、上記符号帳に格納された正規化ゲイン補正量候補ベクトルを構成する 2 個の値のそれぞれにその 2 つの区分された範囲に対応する所定の係数を乗算することにより得られた 2 個の値により構成されるベクトルであり、

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2 つの区分された範囲に対応する所定の係数の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2 つの区分された範囲に対応する所定の係数の絶対値よりも小さい、
復号方法。

【請求項 20】

請求項 13 から請求項 17 の何れかに記載の復号方法であって、
上記二区分ステップが行われる回数を D として、ゲイン補正量候補ベクトルは、 $A = \sum_{d=1}^D 2^d$ として、 A 個のゲイン補正量の候補で構成されており、
上記二区分ステップで得られる A 個の区分された範囲は、それぞれゲイン補正量候補ベクトルを構成する A 個のゲイン補正量の候補に対応付けされており、
ゲイン補正量コードブックには、複数のゲイン補正量候補ベクトルが格納されており、
上記復元ステップは、上記ゲイン補正量コードブックに格納された複数のゲイン補正量候補ベクトルの中から上記符号に含まれるゲイン補正量符号により特定されるゲイン補正量候補ベクトルを選択し、その選択されたゲイン補正量候補ベクトルを構成するゲイン補正量を用いて上記復号グローバルゲインの補正を行うステップを含み、

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2 つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2 つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値よりも大きい、

10

20

30

40

50

復号方法。

【請求項 2 1】

請求項 1 3 から請求項 1 7 の何れかに記載の復号方法であって、

上記補正して得られるゲインは、上記各区分された範囲についての各ゲイン補正量と、上記復号正規化済み信号系列の全てのサンプルの値の二乗和をその各ゲイン補正量に対応する範囲内の全てのサンプルの値の二乗和で除算した値とを乗算した値で上記復号グローバルゲインを補正して得られる値である、

復号方法。

【請求項 2 2】

請求項 1 3 から請求項 1 7 のいずれかに記載の復号方法であって、

上記補正して得られるゲインは、上記各区分された範囲についての各ゲイン補正量と、上記復号正規化済み信号系列のサンプルのエネルギーが所定値よりも大きいサンプルの個数をその各ゲイン補正量に対応する範囲内のサンプルのエネルギーが上記所定値よりも大きいサンプルの個数で除算した値とを乗算した値で上記復号グローバルゲインを補正して得られる値である、

復号方法。

【請求項 2 3】

請求項 1 3 から請求項 1 7 の何れかに記載の復号方法であって、

上記補正して得られるゲインは、上記各区分された範囲についてのゲイン補正量を各範囲ごとに加算した値と、上記復号正規化済み信号系列の全てのサンプルの値の二乗和を上記各区分された範囲内の全てのサンプルの値の二乗和で除算した値とを乗算した値で上記復号グローバルゲインを補正して得られる値である、

復号方法。

【請求項 2 4】

請求項 1 3 から請求項 1 7 の何れかに記載の復号方法であって、

上記補正して得られるゲインは、上記各区分された範囲についてのゲイン補正量を各範囲ごとに加算した値と、上記復号正規化済み信号系列のサンプルのエネルギーが所定値よりも大きいサンプルの個数を上記各区分された範囲内のサンプルのエネルギーが上記所定値よりも大きいサンプルの個数で除算した値とを乗算した値で上記復号グローバルゲインを補正して得られる値である、

復号方法。

【請求項 2 5】

複数の入力信号サンプルにより構成される、フレーム単位の入力信号系列を符号化する符号化装置において、

上記入力信号系列に含まれる各入力信号サンプルが正規化された信号による系列を符号化して得られる正規化信号符号と、上記正規化信号符号に対応する量子化正規化済み信号系列と、を得る正規化信号符号化部と、

上記入力信号系列に対応するゲインである量子化グローバルゲインと、上記量子化グローバルゲインに対応するグローバルゲイン符号と、を得るグローバルゲイン符号化部と、

上記量子化正規化済み信号系列を 3 つ以上の範囲に区分する区分部と、

各上記区分された範囲についての少なくとも 1 つのゲイン補正量で上記量子化グローバルゲインを補正して得られるゲインを上記各区分された範囲ごとに上記量子化正規化済み信号系列の各サンプルの値に乘算して得られる信号系列と上記入力信号系列との相関が最大又は誤差が最小となるゲイン補正量を特定するためのゲイン補正量符号を得るゲイン補正量符号化部と、

を含み、

上記区分部は二区分部を含み、

上記区分部の処理における上記量子化正規化済み信号系列の区分は、入力された区分対象範囲を 2 つの範囲に区分する上記二区分部により行われ、

上記二区分部の処理は、上記二区分部の処理で得られる 2 つの区分された範囲にそれぞ

10

20

30

40

50

れ対応する2つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行され、

第1回目の二区分部の処理は、上記量子化正規化済み信号系列を上記区分対象範囲とすることにより行われ、第 2^n 回目(n は1以上の各整数)から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部の処理のそれぞれは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部の処理で得られる 2^n 個の範囲のうちの何れか1つの範囲を上記区分対象範囲とすることにより行われる、

符号化装置。

【請求項26】

フレーム単位の符号を復号して出力信号系列を得る復号装置において、

上記符号に含まれる正規化信号符号を復号して復号正規化済み信号系列を得る正規化信号復号部と、

上記符号に含まれるグローバルゲイン符号を復号して復号グローバルゲインを得るグローバルゲイン復号部と、

上記復号正規化済み信号系列を3つ以上の範囲に区分する区分部と、

上記符号に含まれるゲイン補正量符号を復号して得られる各上記区分された範囲についての少なくとも1つのゲイン補正量で上記復号グローバルゲインを補正して得られるゲインを上記各区分された範囲ごとに上記復号正規化済み信号系列の各サンプルの値にを乗算して得られる信号系列を出力信号系列として得る復元部と、

を含み、

上記区分部は二区分部を含み、

上記区分部の処理における上記復号正規化済み信号系列の区分は、入力された区分対象範囲を2つの範囲に区分する上記二区分部により行われ、

上記二区分部の処理は、上記二区分部の処理で得られる2つの区分された範囲にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行され、

第1回目の二区分部の処理は、上記復号正規化済み信号系列を上記区分対象範囲とすることにより行われ、第 2^n 回目(n は1以上の各整数)から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部の処理のそれぞれは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部の処理で得られる 2^n 個の範囲のうちの何れか1つの範囲を上記区分対象範囲とすることにより行われる、

復号装置。

【請求項27】

請求項1から請求項12の何れかに記載の符号化方法の各ステップをコンピュータに実行させるためのプログラム。

【請求項28】

請求項13から請求項24の何れかに記載の復号方法の各ステップをコンピュータに実行させるためのプログラム。

【請求項29】

請求項1から請求項12の何れかに記載の符号化方法の各ステップをコンピュータに実行させるためのプログラムを記録した記録媒体。

【請求項30】

請求項13から請求項24の何れかに記載の復号方法の各ステップをコンピュータに実行させるためのプログラムを記録した記録媒体。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明は、音声や音楽などの音響信号を少ない情報量で符号化するための技術に関し、より詳しくは、量子化精度を向上させる符号化技術に関する。

【背景技術】

【0002】

現在、音声や音楽などの音響信号を離散化したデジタルの入力信号を高効率に符号化

10

20

30

40

50

する技術として、例えば、入力信号に含まれる5から200ms程度の一定間隔の各区間（フレーム）の入力信号系列を処理対象として、1フレームの入力信号系列に時間-周波数変換を適用して得られた周波数領域信号を符号化することが知られている。このような従来技術のうち、非特許文献1に開示されている符号化装置と復号装置の概要を図1に示す。

【0003】

なお、非特許文献1によるとグローバルゲイン（正規化された入力信号系列の量子化精度に影響を及ぼすゲイン）の量子化値は時間領域で計算されている。しかし、時間領域における信号のエネルギーと周波数領域における信号のエネルギーは等しいため、グローバルゲインの量子化値を周波数領域で求めてもこの結果は時間領域におけるそれと異ならない。したがって、ここでは、グローバルゲインの量子化値およびその復号値を周波数領域で計算する場合を例示する。

10

【0004】

以下、符号化装置での処理を説明する。

【0005】

<周波数領域変換部101>

周波数領域変換部101には、時間領域の入力信号 $x(t)$ に含まれる連続する複数サンプルからなるフレーム単位の入力時間領域信号系列 $x_F(t)$ が入力される。周波数領域変換部101は、1フレームの入力時間領域信号系列 $x_F(t)$ に対応する L 点（ L は、正整数で例えば256である）の周波数成分を入力周波数領域信号系列 $X(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] として出力する。ここで、 t は離散時間のインデックス、 $\$ は離散周波数のインデックスを表す。時間-周波数変換方法として、例えばMDCT(Modified Discrete Cosine Transform)またはDCT(Discrete Cosine Transform)を用いることができる。

20

【0006】

<正規化部102>

正規化部102には、入力周波数領域信号系列 $X(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] と、後述するゲイン制御部104で求められた入力周波数領域信号系列 $X(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] の各成分の量子化精度を決定するゲイン（以下、グローバルゲインという） g が入力される。正規化部102は、入力周波数領域信号系列 $X(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] の各成分をグローバルゲイン g でそれぞれ除することによって、もしくは入力周波数領域信号系列 $X(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] の各成分にグローバルゲイン g の逆数をそれぞれ乗ずることによって、入力周波数領域信号系列 $X(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] の正規化を行い、正規化済み信号系列 $X_Q(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] を出力する。

30

【0007】

<量子化部103>

量子化部103には、正規化済み信号系列 $X_Q(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] が入力される。量子化部103は、事前に定められた方法で正規化済み信号系列 $X_Q(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] の量子化を行い、正規化済み信号系列 $X_Q(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] の各成分の量子化値による系列である量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$]、および量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] に対応する符号である正規化信号符号を生成し、正規化信号符号のビット数（以下、消費ビット数という）を出力する。また、ゲイン制御部104から、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] と正規化信号符号を出力する指令情報を受けた場合には、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{0, \dots, L-1\}$] と正規化信号符号を出力する。

40

【0008】

<ゲイン制御部104>

ゲイン制御部104には、消費ビット数が入力される。ゲイン制御部104は、消費ビット数が正規化信号符号に対して事前に割り当てられたビット数（以下、規定ビット数という）以下の最大値に近づくようにグローバルゲイン g を調整し、調整後のグローバルゲイン g を新たなグローバルゲイン g として出力する。グローバルゲイン g の調整の一例と

50

して、消費ビット数が規定ビット数より大きい場合にはグローバルゲイン g を大きくし、そうでなければグローバルゲイン g を小さくする処理を例示できる。消費ビット数が規定ビット数以下の最大値となった場合には、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ と正規化信号符号を出力する指令情報を量子化部 103 に対して出力する。

【0009】

<グローバルゲイン符号化部 105 >

グローバルゲイン符号化部 105 には、入力周波数領域信号系列 $X(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ と量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ が入力される。グローバルゲイン符号化部 105 は、予め設定されたグローバルゲインの量子化値の複数の候補のうち、入力周波数領域信号系列 $X(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ と、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ の各成分とグローバルゲインの量子化値の候補との乗算値による系列と、の間の相関が最大または誤差が最小となるグローバルゲインの量子化値の候補 g^{\wedge} に対応する符号をグローバルゲイン符号として出力する。

10

【0010】

符号化装置の出力符号である正規化信号符号とグローバルゲイン符号は、復号装置に向けて送信され、復号装置に入力される。

【0011】

以下、復号装置での処理を説明する。

【0012】

<グローバルゲイン復号部 106 >

グローバルゲイン復号部 106 には、グローバルゲイン符号が入力される。グローバルゲイン復号部 106 は、グローバルゲイン符号化部 105 が行う符号化処理に対応する復号処理を適用して当該グローバルゲイン符号を復号し、復号グローバルゲイン g^{\wedge} を出力する。

20

【0013】

<正規化信号復号部 107 >

正規化信号復号部 107 には、正規化信号符号が入力される。正規化信号復号部 107 は、符号化装置の量子化部 103 で行われる符号化方法と対応する復号方法を適用して当該正規化信号符号を復号し、復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ を出力する。

30

【0014】

<復号周波数成分計算部 108 >

復号周波数成分計算部 108 には、復号グローバルゲイン g^{\wedge} と復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ が入力される。復号周波数成分計算部 108 は、復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ の各成分と復号グローバルゲイン g^{\wedge} とをそれぞれ乗算して得られる系列を復号周波数領域信号系列 $X^{\wedge}(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ として出力する。

【0015】

<時間領域変換部 109 >

時間領域変換部 109 には、復号周波数領域信号系列 $X^{\wedge}(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ が入力される。時間領域変換部 109 は、復号周波数領域信号系列 $X^{\wedge}(\) [\{0, \dots, L-1\}]$ に対して周波数 - 時間変換を適用して、フレーム単位の出力時間領域信号系列 $Z_F(t)$ を出力する。周波数 - 時間変換方法は、周波数領域変換部 101 で用いられた時間 - 周波数変換方法に対応する逆変換である。上述の例であれば、ここでの周波数 - 時間変換方法は、IMDCT(Inverse Modified Discrete Cosine Transform)またはIDCT(Inverse Discrete Cosine Transform)である。

40

【先行技術文献】

【非特許文献】

【0016】

【非特許文献 1】Guillaume Fuchs, Markus Multrus, Max Neuendorf and Ralf Geiger,

50

“ MDCT-BASED CODER FOR HIGHLY ADAPTIVE SPEECH AND AUDIO CODING, ” 17th European Signal Processing Conference (EUSIPCO 2009), Glasgow, Scotland, August 24-28, 2009.

【発明の概要】

【発明が解決しようとする課題】

【0017】

上述のような符号化方法では、グローバルゲインを調整して正規化済み信号系列の量子化の粗さを適宜制御し、このことによって正規化信号符号の符号量である消費ビット数が規定ビット数以下の最大値となるように制御を行っている。このため、規定ビット数より消費ビット数が小さい場合は、正規化済み信号系列のために事前に割り当てられたビット数を十分に生かした符号化処理を行えていないという問題がある。

10

【0018】

このような状況に鑑みて、本発明は、正規化済み信号系列の量子化精度を少ない符号量の増加で改善する符号化技術とその復号技術を提供することを目的とする。

【課題を解決するための手段】

【0019】

本発明の一態様による符号化方法は、複数の入力信号サンプルにより構成される、フレーム単位の入力信号系列を符号化する符号化方法において、入力信号系列に含まれる各入力信号サンプルが正規化された信号による系列を符号化して得られる正規化信号符号と、正規化信号符号に対応する量子化正規化済み信号系列と、を得る正規化信号符号化ステップと、入力信号系列に対応するゲインである量子化グローバルゲインと、量子化グローバルゲインに対応するグローバルゲイン符号と、を得るグローバルゲイン符号化ステップと、量子化正規化済み信号系列を3つ以上の範囲に区分する区分ステップと、各区分された範囲についての少なくとも1つのゲイン補正量で量子化グローバルゲインを補正して得られるゲインを各区分された範囲ごとに量子化正規化済み信号系列の各サンプルの値に乗算して得られる信号系列と入力信号系列との相関が最大又は誤差が最小となるゲイン補正量を特定するためのゲイン補正量符号を得るゲイン補正量符号化ステップと、を有し、区分ステップにおける量子化正規化済み信号系列の区分は、入力された区分対象範囲を2つの範囲に区分する二区分ステップにより行われ、二区分ステップは、二区分ステップで得られる2つの区分された範囲にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行され、第1回目の二区分ステップは、量子化正規化済み信号系列を区分対象範囲とすることにより行われ、第 2^n 回目（ n は1以上の各整数）から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップのそれぞれは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2^n 個の範囲のうちの何れか1つの範囲を区分対象範囲とすることにより行われる。

20

30

【0020】

本発明の一態様による復号方法は、フレーム単位の符号を復号して出力信号系列を得る復号方法において、符号に含まれる正規化信号符号を復号して復号正規化済み信号系列を得る正規化信号復号ステップと、符号に含まれるグローバルゲイン符号を復号して復号グローバルゲインを得るグローバルゲイン復号ステップと、復号正規化済み信号系列を3つ以上の範囲に区分する区分ステップと、符号に含まれるゲイン補正量符号を復号して得られる各区分された範囲についての少なくとも1つのゲイン補正量で復号グローバルゲインを補正して得られるゲインを各区分された範囲ごとに復号正規化済み信号系列の各サンプルの値にを乗算して得られる信号系列を出力信号系列として得る復元ステップと、を有し、区分ステップにおける復号正規化済み信号系列の区分は、入力された区分対象範囲を2つの範囲に区分する二区分ステップにより行われ、二区分ステップは、二区分ステップで得られる2つの区分された範囲にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行され、第1回目の二区分ステップは、復号正規化済み信号系列を区分対象範囲とすることにより行われ、第 2^n 回目（ n は1以上の各整数）から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分ステップの

40

50

それぞれは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分ステップで得られる 2^n 個の範囲のうち何れか 1 つの範囲を区分対象範囲とすることにより行われる。

【発明の効果】

【0021】

符号を要することなく符号化側と復号側で同一の方法でフレームを複数の範囲に区分し、複数の範囲のそれぞれにおいて、フレームの帯域全体に適用される量子化グローバルゲインを補正することによって、少ない符号量の増加でゲインの量子化精度が向上し、ミュージカルノイズや量子化ノイズなどに起因する音質劣化を軽減できる。

【図面の簡単な説明】

【0022】

【図1】従来技術に関わる符号化装置と復号装置の機能構成例を示すブロック図。

【図2】第1実施形態に係る符号化装置の機能構成例を示すブロック図。

【図3】第1実施形態に係る符号化処理の処理フローを示す図。

【図4】第1基準による区分処理の第1例の具体例1の処理フローを示す図。

【図5】第1基準による区分処理の第3例の具体例1の処理フローを示す図。

【図6】第1基準による区分処理の第5例の具体例1の処理フローを示す図。

【図7】第2基準による区分処理の第1例の具体例1の処理フローを示す図。

【図8】第2基準による区分処理の第3例の具体例1の処理フローを示す図。

【図9】第2基準による区分処理の第5例の具体例1の処理フローを示す図。

【図10】区分された範囲の例を説明するための図。

【図11】区分部150の処理フローの例を示す図。

【図12】ゲイン補正量符号化部140の変形例5及び復元部250の変形例5を説明するための図。

【図13】第1実施形態に係る復号装置の機能構成例を示すブロック図。

【図14】第1実施形態に係る復号処理の処理フローを示す図。

【図15】区分部260の処理フローの例を示す図。

【発明を実施するための形態】

【0023】

本発明の実施形態を、図面を参照して説明する。同一構成要素ないし同一処理には同一符号を割り当てて重複説明を省略する場合がある。なお、各実施形態で扱う音響信号は音声や楽音などの音響、映像などの信号である。ここでは音響信号が時間領域信号であることを想定しているが、必要に応じて周知技術によって時間領域信号を周波数領域信号に変換することも、或いは周波数領域信号を時間領域信号に変換することもできる。したがって、符号化処理の対象となる信号は、時間領域信号でも周波数領域信号でもよい(以下の説明では、説明を具体的にするため、周波数領域信号を扱う)。符号化処理の対象として入力される信号は複数のサンプルで構成される系列(サンプル系列)であり、符号化処理は通常、フレーム単位で実行されることから、処理対象の信号を入力信号系列と呼称することにする。

【0024】

例えば図1に示す技術を参考にすると、入力信号系列 $X(\) [\{ 0, \dots, L-1 \}]$ に含まれる各成分、量子化グローバルゲイン g^{\wedge} および量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{ 0, \dots, L-1 \}]$ に含まれる各成分の関係は式(1)で表すことができる。ここで、 e_g はグローバルゲイン g と量子化グローバルゲイン g^{\wedge} との量子化誤差を、 e_{XQ} は正規化入力信号系列 $X_Q(\) [\{ 0, \dots, L-1 \}]$ と量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{ 0, \dots, L-1 \}]$ に含まれる対応する成分同士(同じ ω の値の成分同士)の量子化誤差を表している。

【0025】

【数1】

$$X(\omega) = \{\hat{g} + e_g\} \{\hat{X}_Q(\omega) + e_{XQ}\} \tag{1}$$

10

20

30

40

50

【 0 0 2 6 】

通常の量子化では、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\ \ \ \ \{0, \dots, L-1\}]$ に対応する符号である正規化信号符号に消費される消費ビット数は入力信号系列に依存し、正規化信号符号用に予め定められた規定ビット数の一部が未使用のビットとして残る場合が多い。そこで、この残った一つまたは複数のビット（以下、未使用ビットという）を量子化誤差 e_g と e_{xQ} の低減に利用する。さらに言えば、未使用ビットに限らず、量子化誤差の低減のために事前に用意された一つまたは複数のビットを利用してよい。以下で説明する実施形態では、未使用ビットまたは事前に用意された一つまたは複数のビットのうち一部または全部を量子化誤差 e_g の低減に利用することを説明する。例えば、未使用ビットまたは事前に用意された一つまたは複数のビットのうち、量子化誤差 e_{xQ} の低減に使われなかった残りのビットを量子化誤差 e_g の低減に利用することができる。もちろん、量子化誤差 e_g の低減のためだけに利用される一つまたは複数のビットを事前に用意しておいてもよい。以下、量子化誤差 e_g の低減に利用可能なビットを「ゲイン修正ビット」と呼称する。ゲイン修正ビットのビット数を U とする。

10

【 0 0 2 7 】

「量子化誤差 e_g を低減する」ことは、換言すると、「量子化グローバルゲインを補正する」ことに他ならない。量子化グローバルゲインの補正に関して、一つのフレームに関する離散周波数のインデックス $\{0, 1, 2, \dots, L-1\}$ の全体、つまり系列全体、に共通の量子化グローバルゲインを補正する方法が考えられる。しかし、音響信号の特性を考慮すると、系列全体に共通の量子化グローバルゲインを補正するよりも、系列全体 B を N 個（ただし、 N は 2 以上の予め定められた整数である）の範囲 $\{B_n\}_{n=1}^N = \{B_1, \dots, B_n, \dots, B_N\}$ に区分した後、各範囲に対応するゲインを、量子化グローバルゲインを補正することによって求める方が、音声品質の向上を期待できる。このような観点から、実施形態における適応量子化では、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\ \ \ \ \{0, \dots, L-1\}]$ の系列全体が複数の範囲に区分される。

20

【 0 0 2 8 】

符号化装置と復号装置とで同じ信号系列 B を N 個の範囲に区分するために容易に考えられる方法は、隣接する範囲の境界位置や各範囲に含まれる成分数のような範囲を特定する情報を符号化装置の出力とする方法である。しかし、範囲を特定する情報を出力するためには大量のビット数が必要となる。範囲を特定する情報を符号化装置の出力とすることなく、すなわち、ビットを消費することなく、符号化装置と復号装置とで同じ基準で区分を行なう。また、各範囲に対してなるべく均等にゲイン修正ビット、すなわち、量子化グローバルゲインを修正するための情報量、を与えることを想定し、各範囲に含まれる量子化正規化済み信号系列の成分の情報量なるべく均等となることが望ましい。そこで、系列区分の基準として「各範囲のエネルギーなるべく等しくなるように区分する基準」又は「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数なるべく等しくなるように区分する基準」を採用する。これらの基準による具体的な区分方法については、後に詳述する。

30

【 0 0 2 9 】

実施形態の詳細を以下に説明する。

【 0 0 3 0 】

《 第 1 実施形態 》

第 1 実施形態の符号化装置 1（図 2 参照）は、正規化信号符号化部 1 2 0、グローバルゲイン符号化部 1 0 5、区分部 1 5 0、ゲイン補正量符号化部 1 4 0 及び制御部 1 7 0 を含む。符号化装置 1 は、必要に応じて、周波数領域変換部 1 0 1 と合成部 1 6 0 を含んでもよい。

40

【 0 0 3 1 】

まず、符号化装置 1（encoder）が行う符号化処理を説明する（図 3 参照）。

【 0 0 3 2 】

ここでは、符号化装置 1 の入力信号系列は、フレーム単位の音響信号 $x(t)$ に対応する L 点（ L は、正整数で例えば 2 5 6 である）の周波数成分である入力信号系列 $X(\) [$

50

$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] であるとして説明する。ここで、 t は離散時間のインデックス、 L は離散周波数のインデックス、 L_{min} は L 点の周波数成分のうちの最小の離散周波数のインデックス、 L_{max} は L 点の周波数成分のうちの最大の離散周波数のインデックス、を表す。ただし、フレーム単位の音響信号 $x(t)$ そのものを符号化装置 1 の入力信号系列としてもよいし、フレーム単位の音響信号 $x(t)$ に対して線形予測分析をした残差信号を符号化装置 1 の入力信号系列としてもよいし、その残差信号に対応する L 点 (L は、正整数で例えば 256 である) の周波数成分を入力信号系列としてもよい。

【 0 0 3 3 】

< 周波数領域変換部 1 0 1 >

符号化装置 1 は、符号化装置 1 の前処理部として、または符号化装置 1 内に、周波数領域変換部 1 0 1 を備えてもよい。この場合は、周波数領域変換部 1 0 1 がフレーム単位の時間領域の音響信号 $x(t)$ に対応する L 点 (L は、正整数で例えば 256 である) の周波数成分を生成して入力信号系列 $X(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] として出力する。時間 - 周波数変換方法として、例えば MDCT (Modified Discrete Cosine Transform) や DCT (Discrete Cosine Transform) を用いることができる。この場合も、フレーム単位の時間領域の音響信号に代えて、フレーム単位の時間領域の音響信号を線形予測分析して得られる残差信号を $x(t)$ としてもよい。

10

【 0 0 3 4 】

< 正規化信号符号化部 1 2 0 >

正規化信号符号化部 1 2 0 は、フレーム単位の入力信号系列 $X(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] の各成分が正規化された信号による系列を符号化して得られる正規化信号符号と、この正規化信号符号に対応する量子化正規化済み信号系列 $X^Q(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] を出力する (ステップ S 1 e)。

20

【 0 0 3 5 】

正規化信号符号化部 1 2 0 は、例えば、図 1 の正規化部 1 0 2、量子化部 1 0 3、ゲイン制御部 1 0 4 により実現される。正規化部 1 0 2、量子化部 1 0 3、ゲイン制御部 1 0 4 のそれぞれは、[背景技術] 欄で説明した通りに動作する。

【 0 0 3 6 】

< グローバルゲイン符号化部 1 0 5 >

グローバルゲイン符号化部 1 0 5 が、入力信号系列 $X(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] に対応するゲインである量子化グローバルゲイン g^{\wedge} と、量子化グローバルゲイン g^{\wedge} に対応するグローバルゲイン符号とを得る (ステップ S 2 e)。また、グローバルゲイン符号化部 1 0 5 は、必要に応じて量子化グローバルゲイン g^{\wedge} に対応する量子化ステップ幅も得る。

30

【 0 0 3 7 】

グローバルゲイン符号化部 1 0 5 は、例えば、[背景技術] 欄で説明した通りに動作する。

【 0 0 3 8 】

また、例えば、グローバルゲイン符号化部 1 0 5 は、量子化グローバルゲインの候補とその候補に対応するグローバルゲイン符号の組を複数組格納したテーブルを備え、正規化信号符号化部 1 2 0 で得られたグローバルゲイン g と最も近い量子化グローバルゲインの候補を量子化グローバルゲイン g^{\wedge} とし、その候補に対応するグローバルゲイン符号を出力してもよい。

40

【 0 0 3 9 】

要は、グローバルゲイン符号化部 1 0 5 は、量子化正規化済み信号系列 $X^Q(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] の各成分とゲインとを乗算して得られる信号系列と入力信号系列 $X(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] との相関が最大または誤差が最小となるような基準で求められた量子化グローバルゲイン g^{\wedge} とこの量子化グローバルゲインに対応するグローバルゲイン符号を求めて出力すればよい。

【 0 0 4 0 】

50

なお、ゲイン補正量符号化部 140 が量子化グローバルゲイン g^{\wedge} に対応する量子化ステップ幅を用いた処理を行う場合は、量子化グローバルゲイン g^{\wedge} に対応する量子化ステップ幅もゲイン補正量符号化部 140 に対して出力される。

【0041】

< 区分部 150 >

区分部 150 には、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] 及びゲイン修正ビットのビット数 U が入力される。区分部 150 は、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] を、3 つ以上の範囲に区分する (ステップ S 3 e)。区分についての情報である区分情報は、ゲイン補正量符号化部 140 に送信される。

10

【0042】

区分部 150 は、二区分部 151 を含む。二区分部 151 は、入力された区分対象範囲を 2 つの範囲に区分する。二区分部 151 の処理の詳細については、後述する。

【0043】

二区分部 151 による区分処理は、二区分部 151 の区分処理で得られる 2 つの区分された範囲にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行される。これにより、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] は、3 つ以上の範囲に区分される。ゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数は、ゲイン修正ビットのビット数 U のことである。

20

【0044】

第 1 回目の二区分部 151 の処理は、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] を区分対象範囲とすることにより行われる。

【0045】

n を 1 以上の各整数として、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 151 の処理のそれぞれは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部 151 の処理で得られる 2^n 個の範囲のうちの何れか 1 つの範囲を区分対象範囲とすることにより行われる。

【0046】

以下、図 11 を参照しながら、区分部 150 の処理の一例について説明する。

【0047】

制御部 170 は、余剰ビット数 u をゲイン修正ビットのビット数 U とすることにより、余剰ビット数 u の値を初期化する (ステップ S 3 e 0)。

30

【0048】

制御部 170 は、余剰ビット数 u が 0 より大であるか判定する (ステップ S 3 e 1)。

【0049】

ステップ S 3 e 1 において、余剰ビット数 u が 0 より大でないと判定された場合には、ステップ S 3 e の処理を終了する。

【0050】

ステップ S 3 e 1 において、余剰ビット数 u が 0 より大であると判定された場合には、制御部 170 は、二区分部 151 による今回の処理の対象となる範囲である区分対象範囲を決定する (ステップ S 3 e 2)。区分対象範囲についての情報は、二区分部 151 に送信される。

40

【0051】

前回の二区分部 151 の処理が第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の処理であり、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の処理で区分して得られた 2^n 個の範囲のうち区分対象範囲となっていない範囲が残っている場合には、制御部 170 は、この残っている範囲の何れか 1 つの範囲を、区分対象範囲 [l_{min}, l_{max}] とする。

【0052】

n を 1 以上の整数として、前回の二区分部 151 の処理が第 $2^{n+1} - 1$ 回目の処理であり、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の処理で区分して得られた 2^n 個の範囲のうち区分対

50

象範囲となっていない範囲が残っていない場合、制御部 170 は、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の処理で区分して得られた 2^{n+1} 個の範囲のうち何れか 1 つの範囲を、区分対象範囲 $[l_{min}, l_{max}]$ とする。

【0053】

前回の二区分部 151 の処理が 1 回目の処理である場合、制御部 170 は、1 回目の処理で区分して得られた 2 個の範囲のうち何れか 1 つの範囲を、区分対象範囲 $[l_{min}, l_{max}]$ とする。

【0054】

二区分部 151 は、区分対象範囲を 2 つの範囲に区分する (ステップ S3e3)。区分対象範囲を $[l_{min}, l_{max}]$ と表記し、区分された範囲のうち、低域側の範囲を $[l_{min}, l_{mid} - 1]$ 、高域側の範囲を $[l_{mid}, l_{max}]$ と表記する。二区分部 151 の処理の詳細については、後述する。

【0055】

二区分部 151 は、2 つの区分された範囲にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量を表すビットの数 Me を決定する (ステップ S3e4)。これにより、2 つの区分された範囲にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量に Me 個のビットを割り当てる。このビット数 Me は、所定の固定値でもよいし、二区分部 151 で区分された 2 つの区分された範囲ごとに異なってもよい。決定されたビット数 Me についての情報は、ゲイン補正量符号化部 140 に送信される。

【0056】

制御部 170 は、 $u - Me$ として、余剰ビットの数 u を Me だけデクリメントする (ステップ S3e5)。すなわち、 u から Me を減じた値を新たな u の値とする。その後、ステップ S3e1 に戻る。

【0057】

このようにして、ステップ S3e1 からステップ S3e5 の処理は、余剰ビットの数 u が 0 より大きい限りは繰り返される。換言すれば、二区分部 151 の処理は、二区分部 151 の区分処理で得られる 2 つの区分された範囲にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行される。

【0058】

[区分部 150 の変形例 1]

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 151 の処理は、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部 151 の処理で得られた 2^n 個の範囲のうち、聴覚的な重要度が高い範囲から順に区分対象範囲とすることにより行なわれてもよい。

【0059】

[区分部 150 の変形例 2]

また、一般的には、周波数が低い帯域の方が、周波数が高い帯域よりも、聴覚的な重要度が高いことが多い。このため、入力信号系列が周波数領域の信号系列である場合には、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 151 の処理は、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部 151 の処理で得られた 2^n 個の範囲のうち、周波数が低い範囲から順に区分対象範囲とすることにより行なわれてもよい。

【0060】

<ゲイン補正量符号化部 140 >

ゲイン補正量符号化部 140 には、入力信号系列 $X(\)$ $[\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ と、量子化グローバルゲイン g^{\wedge} と、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ $[\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ と区分情報が入力される。ゲイン補正量符号化部 140 は、記憶部 141 を例えば含む。

【0061】

ゲイン補正量符号化部 140 は、各区分された範囲についての少なくとも 1 つのゲイン補正量で量子化グローバルゲイン g^{\wedge} を補正して得られるゲインを各区分された範囲ごと

10

20

30

40

50

に量子化正規化済み信号系列 $X^Q(\cdot)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] の各サンプルの値に乗算して得られる信号系列と入力信号系列 $X(\cdot)$ [$\{L_{min}, \dots, L_{max}\}$] との誤差が最小となるゲイン補正量を特定するためのゲイン補正量符号 idx を得る (ステップ S 4 e)。

【 0 0 6 2 】

ゲイン補正量による量子化グローバルゲイン g^{\wedge} の補正の一例は、ゲイン補正量と量子化グローバルゲイン g^{\wedge} との加算である。

【 0 0 6 3 】

各区分された範囲についての少なくとも1つのゲイン補正量とは、その各区分された範囲に対応するゲイン補正量、及び、その各区分された範囲を含む範囲に対応するゲイン補正量のことである。その各区分された範囲を含む範囲が存在しない場合には、その各区分された範囲についてのゲイン補正量は、その各区分された範囲に対応するゲイン補正量のことである。

10

【 0 0 6 4 】

例えば、図 10 に示すように、量子化正規化済み信号系列が4つの範囲に区分されるとする。この例では、量子化正規化済み信号系列は、第1の範囲 R 1、第2の範囲 R 2、第3の範囲 R 3 及び第4の範囲 R 4 に区分されている。第1の範囲 R 1 は区間 $[L_{min}, L_{(1)} - 1]$ であり、第2の範囲 R 2 は区間 $[L_{(1)}, L_{(2)} - 1]$ であり、第3の範囲 R 3 は区間 $[L_{(2)}, L_{(3)} - 1]$ であり、第4の範囲 R 4 は区間 $[L_{(3)}, L_{max}]$ である。図 10 の横軸は、サンプル番号を表す。範囲 R 1 及び範囲 R 2 は、第1回目の二区分部 1 5 1 の処理で得られた範囲 R 1 2 に含まれる。また、範囲 R 3 及び範囲 R 4 は、第1回目の二区分部 1 5 1 の処理で得られた範囲 R 3 4 に含まれる。

20

【 0 0 6 5 】

したがって、範囲 R 1 についての少なくとも1つのゲイン補正量は、範囲 R 1 に対応するゲイン補正量及び範囲 R 1 2 に対応するゲイン補正量である。範囲 R 2 についての少なくとも1つのゲイン補正量は、範囲 R 2 に対応するゲイン補正量及び範囲 R 1 2 に対応するゲイン補正量である。範囲 R 3 についての少なくとも1つのゲイン補正量は、範囲 R 3 に対応するゲイン補正量及び範囲 R 3 4 に対応するゲイン補正量である。範囲 R 4 についての少なくとも1つのゲイン補正量は、範囲 R 4 に対応するゲイン補正量及び範囲 R 3 4 に対応するゲイン補正量である。

30

【 0 0 6 6 】

区分部 1 5 0 の二区分部 1 5 1 において、範囲 R 1 2 及び範囲 R 3 4 にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量に Mc 個のビットが割り当てられており、範囲 R 1 及び範囲 R 2 にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量に Ma 個のビットが割り当てられており、範囲 R 3 及び範囲 R 4 にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量に Mb 個のビットが割り当てられているとする。各範囲に対応するゲイン補正量は、二区分部 1 5 1 でその各範囲に対応するゲイン補正量に割り当てられたビット数で特定されるとする。

【 0 0 6 7 】

各範囲に対応するゲイン補正量は、スカラー量子化されてもよいし、ベクトル量子化されてもよい。ここでは、図 10 に示すように範囲が区分されており、隣接する2つの範囲

40

【 0 0 6 8 】

この例では、範囲 R 1 及び範囲 R 2 がグループ G 1 2 を構成しており、範囲 R 3 及び範囲 R 4 がグループ G 3 4 を構成しており、範囲 R 1 2 及び範囲 R 3 4 がグループ G 1 2 3 4 を構成している。すなわち、各グループを構成する範囲は、以下のようになる。

【 0 0 6 9 】

グループ G 1 2 = { 範囲 R 1 , 範囲 R 2 }

グループ G 3 4 = { 範囲 R 3 , 範囲 R 4 }

グループ G 1 2 3 4 = { 範囲 R 1 2 , 範囲 R 3 4 }

ベクトル量子化は、これらのグループ G 1 2 , G 3 4 , G 1 2 3 4 のそれぞれで行われる

50

【 0 0 7 0 】

具体的には、次の3つのベクトル量子化が行なわれる。第1のベクトル量子化は、グループG 1 2についてのベクトル量子化、すなわち範囲R 1に対応するゲイン補正量と範囲R 2に対応するゲイン補正量とのベクトル量子化である。これを以下では「第1 V Q」という。第2のベクトル量子化は、グループG 3 4についてのベクトル量子化、すなわち範囲R 3に対応するゲイン補正量と範囲R 4に対応するゲイン補正量とのベクトル量子化である。これを以下では「第2 V Q」という。第3のベクトル量子化は、グループG 1 2 3 4についてのベクトル量子化、すなわち範囲R 1 2に対応するゲイン補正量と範囲R 3 4に対応するゲイン補正量とのベクトル量子化である。これを以下では「第3 V Q」という

10

【 0 0 7 1 】

ゲイン補正量符号化部 1 4 0 の記憶部 1 4 1 には、範囲R 1に対応するゲイン補正量の候補 $c_1(ma)$ と、範囲R 2に対応するゲイン補正量の候補 $c_2(ma)$ と、これらのゲイン補正量の候補を特定する符号 $idx_{12}(ma)$ との組が 2^{Ma} 個 (2のMa乗個、Maは1以上の整数、 $ma \in \{1, \dots, 2^{Ma}\}$) 格納されている。具体的には、 $c_1(1)$ と $c_2(1)$ と $idx_{12}(1)$ との組、 $c_1(2)$ と $c_2(2)$ と $idx_{12}(2)$ との組、...、 $c_1(2^{Ma})$ と $c_2(2^{Ma})$ と $idx_{12}(2^{Ma})$ との組が第1 V Qのゲイン補正量コードブックとして記憶部 1 4 1 に格納されている。符号 $idx_{12}(ma)$ のビット数はMaビットである。すなわち、第1 V Qにより出力される符号 (以下、第1 V Q符号という) idx_{12} はMaビットである。

20

【 0 0 7 2 】

a 個 (この例では $a = 2$) のゲイン補正量の候補で構成されたベクトルを、ゲイン補正量候補ベクトルと呼ぶことにすると、第1 V Qのゲイン補正量コードブックには、 $c_1(1)$ 及び $c_2(1)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、 $c_1(2)$ 及び $c_2(2)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、...、 $c_1(2^{Ma})$ 及び $c_2(2^{Ma})$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトルの計 2^{Ma} 個のゲイン補正量候補ベクトルと、計 2^{Ma} 個のゲイン補正量候補ベクトルとそれぞれ対応する計 2^{Ma} 個の符号 $idx_{12}(1)$, $idx_{12}(2)$, ..., $idx_{12}(2^{Ma})$ が格納されていると考えることができる。

【 0 0 7 3 】

また、記憶部 1 4 1 には、範囲R 3に対応するゲイン補正量の候補 $c_3(mb)$ と、範囲R 4に対応するゲイン補正量の候補 $c_4(mb)$ と、これらのゲイン補正量の候補を特定する符号 $idx_{34}(mb)$ との組が 2^{Mb} 個 (2のMb乗個、Mbは1以上の整数、 $mb \in \{1, \dots, 2^{Mb}\}$) 格納されている。具体的には、 $c_3(1)$ と $c_4(1)$ と $idx_{34}(1)$ との組、 $c_3(2)$ と $c_4(2)$ と $idx_{34}(2)$ との組、...、 $c_3(2^{Mb})$ と $c_4(2^{Mb})$ と $idx_{34}(2^{Mb})$ との組が第2 V Qのゲイン補正量コードブックとして記憶部 1 4 1 に格納されている。MbはMaと同じ値であっても異なる値であってもよい。符号 $idx_{34}(mb)$ のビット数はMbビットである。すなわち、第2 V Qにより出力される符号 (以下、第2 V Q符号という) idx_{34} はMbビットである。

30

【 0 0 7 4 】

第2 V Qのゲイン補正量コードブックには、 $c_3(1)$ 及び $c_4(1)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、 $c_3(2)$ 及び $c_4(2)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、...、 $c_3(2^{Mb})$ 及び $c_4(2^{Mb})$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトルの計 2^{Mb} 個のゲイン補正量候補ベクトルと、計 2^{Mb} 個のゲイン補正量候補ベクトルとそれぞれ対応する計 2^{Mb} 個の符号 $idx_{34}(1)$, $idx_{34}(2)$, ..., $idx_{34}(2^{Mb})$ が格納されていると考えてもよい。

40

【 0 0 7 5 】

さらに、記憶部 1 4 1 には、範囲R 1 2のゲイン補正量の候補 $c_{12}(mc)$ と、範囲R 3 4のゲイン補正量の候補 $c_{34}(mc)$ と、これらのゲイン補正量の候補を特定する符号 $idx_{1234}(mc)$ との組が 2^{Mc} 個 (2のMc乗個、Mcは1以上の整数、 $mc \in \{1, \dots, 2^{Mc}\}$) 格納されている。具体的には、 $c_{12}(1)$ と $c_{34}(1)$ と $idx_{1234}(1)$ との組、 $c_{12}(2)$ と $c_{34}(2)$ と $idx_{1234}(2)$ との組、...、 $c_{12}(2^{Mc})$ と $c_{34}(2^{Mc})$ と $idx_{1234}(2^{Mc})$ との組が第3 V Qのゲイン補正量コードブックとして記憶部 1 4 1 に格納されている。McはMaと同じ値であっても異なる値であって

50

もよい。また、 M_c は M_b と同じ値であっても異なる値であってもよい。符号 $idx_{1234}(mc)$ のビット数は M_c ビットである。すなわち、第3 V Qにより出力される符号(以下、第3 V Q符号という) idx_{1234} は M_c ビットである。

【0076】

第3 V Qのゲイン補正量コードブックには、 $_{12}(1)$ 及び $_{34}(1)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、 $_{12}(2)$ 及び $_{34}(2)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、...、 $_{12}(2^{M_c})$ 及び $_{34}(2^{M_c})$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトルの計 2^{M_c} 個のゲイン補正量候補ベクトルと、計 2^{M_c} 個のゲイン補正量候補ベクトルとそれぞれ対応する計 2^{M_c} 個の符号 $idx_{1234}(1)$ 、 $idx_{1234}(2)$ 、...、 $idx_{1234}(2^{M_c})$ が格納されていると考えてもよい。

【0077】

このように、各区分された範囲には、複数個のゲイン補正量の候補が対応付けされている。この例では、範囲R1には $_{12}(1), \dots, _{12}(2^{M_a})$ が対応付けされており、範囲R2には $_{23}(1), \dots, _{23}(2^{M_a})$ が対応付けされており、範囲R3には $_{34}(1), \dots, _{34}(2^{M_b})$ が対応付けされており、範囲R4には $_{45}(1), \dots, _{45}(2^{M_b})$ が対応付けされており、範囲R12には $_{12}(1), \dots, _{12}(2^{M_c})$ が対応付けされており、範囲R34には $_{34}(1), \dots, _{34}(2^{M_c})$ が対応付けされている。

【0078】

このとき、ゲイン補正量符号化部140は、以下の式(F1)で定義される誤差を最小にするゲイン補正量ベクトルを特定するためのゲイン補正量符号 idx を得る。

【0079】

【数2】

$$\begin{aligned} & \sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{(1)}-1} |X(\omega) - \{\hat{g} + \Delta_{12}(mc) + \Delta_1(ma)\} \hat{X}_Q(\omega)|^2 \\ & + \sum_{\omega=L_{(1)}}^{L_{(2)}-1} |X(\omega) - \{\hat{g} + \Delta_{12}(mc) + \Delta_2(ma)\} \hat{X}_Q(\omega)|^2 \\ & + \sum_{\omega=L_{(2)}}^{L_{(3)}-1} |X(\omega) - \{\hat{g} + \Delta_{34}(mc) + \Delta_3(mb)\} \hat{X}_Q(\omega)|^2 \\ & + \sum_{\omega=L_{(3)}}^{L_{\max}} |X(\omega) - \{\hat{g} + \Delta_{34}(mc) + \Delta_4(mb)\} \hat{X}_Q(\omega)|^2 \quad (F1) \end{aligned}$$

【0080】

換言すれば、ゲイン補正量符号化部140は、以下の式(F2)で定義される第3 V Q符号 idx_{1234} と第1 V Q符号 idx_{12} と第2 V Q符号 idx_{34} をゲイン補正量符号 idx として出力する。

【0081】

10

20

30

【数3】

 $\{\text{num}_{1234}, \text{num}_{12}, \text{num}_{34}\}$

$$= \arg \min_{\substack{\text{mc} \in \{1, \dots, 2^{Mc}\}, \text{ma} \in \{1, \dots, 2^{Ma}\}, \text{mb} \in \{1, \dots, 2^{Mb}\}}} \left(\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{(1)}-1} |X(\omega) - \{\hat{g} + \Delta_{12}(\text{mc}) + \Delta_1(\text{ma})\} \hat{X}_Q(\omega)|^2 \right. \\ + \sum_{\omega=L_{(1)}}^{L_{(2)}-1} |X(\omega) - \{\hat{g} + \Delta_{12}(\text{mc}) + \Delta_2(\text{ma})\} \hat{X}_Q(\omega)|^2 \\ + \sum_{\omega=L_{(2)}}^{L_{(3)}-1} |X(\omega) - \{\hat{g} + \Delta_{34}(\text{mc}) + \Delta_3(\text{mb})\} \hat{X}_Q(\omega)|^2 \\ \left. + \sum_{\omega=L_{(3)}}^{L_{\max}} |X(\omega) - \{\hat{g} + \Delta_{34}(\text{mc}) + \Delta_4(\text{mb})\} \hat{X}_Q(\omega)|^2 \right)$$

10

 $\text{idx}_{1234} = \text{idx}(\text{num}_{1234})$ $\text{idx}_{12} = \text{idx}(\text{num}_{12})$ $\text{idx}_{34} = \text{idx}(\text{num}_{34})$

(F2)

【0082】

[ゲイン補正量符号化部140の変形例1]

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部151の処理で得られる2つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部151の処理で得られる2つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値よりも小さくてもよい。

20

【0083】

量子化正規化済み信号系列が4個の範囲に区分されている図10に示す例だと、範囲R1に対応するゲイン補正量の候補 $_1(\text{ma})$ の絶対値と、範囲R2に対応するゲイン補正量の候補 $_2(\text{ma})$ の絶対値と、範囲R3に対応するゲイン補正量の候補 $_3(\text{mb})$ の絶対値と、範囲R4に対応するゲイン補正量の候補 $_4(\text{mb})$ の絶対値とが、範囲R12のゲイン補正量の候補 $_{12}(\text{mc})$ の絶対値及び範囲R34のゲイン補正量の候補 $_{34}(\text{mc})$ の絶対値よりも小さくてもよい。

【0084】

 $_{12}(\text{mc}), _{34}(\text{mc}) > _1(\text{ma}), _2(\text{ma}), _3(\text{mb}), _4(\text{mb})$

30

[ゲイン補正量符号化部140の変形例2]

ゲイン補正量候補ベクトルは、例えば次のようにして生成することができる。

【0085】

記憶部141には、2個の値で構成される正規化ゲイン補正量候補ベクトルがその正規化ゲイン補正量候補ベクトルを特定する符号と共に複数格納されているとする。正規化ゲイン補正量候補ベクトルを構成する2個の値を $^1(i)$, $^2(i)$ と表記すると、正規化ゲイン補正量候補ベクトルは $(^1(i), ^2(i))$ と表記することができる。記憶部141には、例えば、 2^E 個の正規化ゲイン補正量候補ベクトル、すなわち $(^1(1), ^2(1)), \dots, (^1(2^E), ^2(2^E))$ が格納されている。Eは、所定の整数であり、例えばMeである。

40

【0086】

なお、の右肩の数字及び文字はについての単なる添え字でありべき乗を意味しない。一方、例えば 2^E 等の以外の文字の右肩の数字及び文字はべき乗を意味する点に注意すること。

【0087】

二区分部151の処理で得られる2つの区分された範囲には、その二区分部151の処理の回数に応じて所定の係数が対応付けされているものとする。例えば、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部151の処理に対応する所定の係数の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部151の処理に対応する所定の係数の絶対値よりも小さいように対応付けがされている。

【0088】

50

このとき、正規化ゲイン補正量候補ベクトルに、二区分部 1 5 1 の処理の回数に対応する所定の係数を乗算したベクトルを、その回数目の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトルとする。言い換えれば、正規化ゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^1(i), \ ^2(i))$ を構成する 2 個の値 $\ ^1(i), \ ^2(i)$ のそれぞれに、二区分部 1 5 1 の処理の回数に対応する所定の係数stepを乗算することにより得られた 2 個の値step $\ ^1(i), \ ^2(i)$ により構成されるベクトル(step $\ ^1(i), \ ^2(i)$)を、その回数目の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトルとする。この乗算は、ゲイン補正量符号化部 1 4 0 の乗算部 1 4 4 により行われる。正規化ゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^1(i), \ ^2(i))$ が 2^E 個ある場合には、 $i=1, \dots, 2^E$ のそれぞれについてこの乗算を行うことにより、 2^E 個のゲイン補正量候補ベクトル(step $\ ^1(i), \ ^2(i)$)が得られる。

10

【 0 0 8 9 】

[ゲイン補正量符号化部 1 4 0 の変形例 3]

二区分部 1 5 1 による各回数目の処理で得られる 2 つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補をそのゲイン補正量の候補を特定する符号と共に、ひとつのゲイン補正量コードブックとして記憶部 1 4 1 に格納しておいてもよい。例えば、 n を 0 以上の各整数として、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,n}(i), \ ^{2,n}(i))$ が、そのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,n}(i), \ ^{2,n}(i))$ を特定する符号 $idx(i)$ と共に記憶部 1 4 1 に格納されているとする。

20

【 0 0 9 0 】

すなわち、図 1 2 に例示するように、 n の最大値を n_{max} として、1 回目 ($n = 0$) の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,0}(i), \ ^{2,0}(i)) [i=1, \dots, 2^E]$ 、2 回目 ($n = 1$) から 3 回目の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,1}(i), \ ^{2,1}(i)) [i=1, \dots, 2^E]$ 、4 回目 ($n = 2$) から 7 回目の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,2}(i), \ ^{2,2}(i)) [i=1, \dots, 2^E]$ 、...、第 $2^{n_{max}}$ 回目 ($n = n_{max}$) から第 $2^{n_{max}+1} - 1$ 回目の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,n_{max}}(i), \ ^{2,n_{max}}(i)) [i=1, \dots, 2^E]$ が、そのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,n}(i), \ ^{2,n}(i))$ を特定する符号 $idx(i)$ と共に記憶部 1 4 1 に格納されているとする。

30

【 0 0 9 1 】

二区分部 1 5 1 の処理が行われる回数を D (D は n_{max} 以下の整数) とすると、符号 $idx(i)$ で特定されるゲイン補正量候補ベクトルは、 $A = \sum_{d=1}^D 2^d$ として、 A 個のゲイン補正量の候補で構成されていると考えてもよい。

【 0 0 9 2 】

このとき、例えば、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,n}(i), \ ^{2,n}(i))$ を構成するゲイン補正量の候補 $\ ^{1,n}(i), \ ^{2,n}(i)$ の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部 1 5 1 の処理で得られる 2 つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル $(\ ^{1,n-1}(i), \ ^{2,n-1}(i))$ を構成するゲイン補正量の候補 $\ ^{1,n-1}(i), \ ^{2,n-1}(i)$ の絶対値よりも小さいとする。

40

【 0 0 9 3 】

[ゲイン補正量符号化部 1 4 0 の変形例 4]

ゲイン補正量符号化部 1 4 0 は、式 (F 1) ではなく式 (F 3) で定義される誤差を最小にするゲイン補正量を特定してもよい。

【 0 0 9 4 】

【 数 4 】

$$\begin{aligned}
& \sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{(1)}-1} \left| X(\omega) - \{\hat{g} + s_{12}\Delta_{12}(mc) + s_1\Delta_1(ma)\} \hat{X}_Q(\omega) \right|^2 \\
& + \sum_{\omega=L_{(1)}}^{L_{(2)}-1} \left| X(\omega) - \{\hat{g} + s_{12}\Delta_{12}(mc) + s_2\Delta_2(ma)\} \hat{X}_Q(\omega) \right|^2 \\
& + \sum_{\omega=L_{(2)}}^{L_{(3)}-1} \left| X(\omega) - \{\hat{g} + s_{34}\Delta_{34}(mc) + s_3\Delta_3(mb)\} \hat{X}_Q(\omega) \right|^2 \\
& + \sum_{\omega=L_{(3)}}^{L_{\max}} \left| X(\omega) - \{\hat{g} + s_{34}\Delta_{34}(mc) + s_4\Delta_4(mb)\} \hat{X}_Q(\omega) \right|^2 \quad (F3)
\end{aligned}$$

10

【 0 0 9 5 】

$s_1, s_2, s_3, s_4, s_{12}, s_{34}$ は、例えば以下の式のように定義される。

【 0 0 9 6 】

【数 5】

$$S_1 = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L^{(1)}-1} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}$$

$$S_2 = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L^{(1)}}^{L^{(2)}-1} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}$$

$$S_3 = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L^{(2)}}^{L^{(3)}-1} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}$$

$$S_4 = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L^{(3)}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}$$

$$S_{12} = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L^{(2)}-1} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}$$

$$S_{34} = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L^{(2)}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}$$

10

20

30

【0097】

このように、ゲイン補正量符号化部 140 は、各区分された範囲についての各ゲイン補正量と、量子化正規化済み信号系列 $X^Q(\)$ [$\{L_{\min}, \dots, L_{\max}\}$] の全てのサンプルの値の二乗和をその各ゲイン補正量に対応する範囲内の全てのサンプルの値の二乗和で除算した値とを乗算した値で量子化グローバルゲイン g^A を補正してもよい。

40

【0098】

また、ゲイン補正量符号化部 140 は、式 (F1) に代えて式 (F4) で定義される誤差を最小にするゲイン補正量を特定するためのゲイン補正量符号 idx を得てもよい。

【0099】

【数6】

$$\begin{aligned}
 & \sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{(1)}-1} \left| X(\omega) - \{\hat{g} + s_1(\Delta_{12}(mc) + \Delta_1(ma))\} \hat{X}_Q(\omega) \right|^2 \\
 & + \sum_{\omega=L_{(1)}}^{L_{(2)}-1} \left| X(\omega) - \{\hat{g} + s_2(\Delta_{12}(mc) + \Delta_2(ma))\} \hat{X}_Q(\omega) \right|^2 \\
 & + \sum_{\omega=L_{(2)}}^{L_{(3)}-1} \left| X(\omega) - \{\hat{g} + s_3(\Delta_{34}(mc) + \Delta_3(mb))\} \hat{X}_Q(\omega) \right|^2 \\
 & + \sum_{\omega=L_{(3)}}^{L_{\max}} \left| X(\omega) - \{\hat{g} + s_4(\Delta_{34}(mc) + \Delta_4(mb))\} \hat{X}_Q(\omega) \right|^2 \quad (F4)
 \end{aligned}$$

10

【0100】

このように、ゲイン補正量符号化部140は、各区分された範囲についてのゲイン補正量を各範囲ごとに加算した値と、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{L_{\min}, \dots, L_{\max}\}$] の全てのサンプルの値の二乗和を各区分された範囲内の全てのサンプルの値の二乗和で除算した値とを乗算した値で量子化グローバルゲイン g^{\wedge} を補正してもよい。

【0101】

なお、 $s_{12}, s_{34}, s_1, s_2, s_3, s_4$ を、それぞれ以下の式のように定義してもよい。

【0102】

【数7】

$$s_{12} = \frac{c_{1234}}{c_{12}}$$

$$s_{34} = \frac{c_{1234}}{c_{34}}$$

$$s_1 = \frac{c_{1234}}{c_1}$$

$$s_2 = \frac{c_{1234}}{c_2}$$

$$s_3 = \frac{c_{1234}}{c_3}$$

$$s_4 = \frac{c_{1234}}{c_4}$$

【0103】

c_{12} は、範囲R12のサンプルのエネルギーが第一の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_{34} は、範囲R34のサンプルのエネルギーが第二の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_{1234} は、範囲R1234のサンプルのエネルギーが第三の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_1 は、範囲R1のサンプルのエネルギーが第四の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_2 は、範囲R2のサンプルのエネルギーが第五の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_3 は、範囲R3のサンプルのエネルギーが第六の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_4 は、範囲R4のサンプルのエネルギーが第七の所定値よりも大きいサンプルの個数である。

【0104】

この場合、ゲイン補正量符号化部140は、各区分された範囲についての各ゲイン補正

10

20

30

40

50

量と、量子化正規化済み信号系列 $X^Q(\) [\{L_{min}, \dots, L_{max}\}]$ のサンプルのエネルギーが第八の所定値よりも大きいサンプルの個数をその各ゲイン補正量に対応する範囲内のサンプルのエネルギーが第九の所定値よりも大きいサンプルの個数で除算した値とを乗算した値で量子化グローバルゲイン g^{\wedge} を補正することになる。または、ゲイン補正量符号化部 140 は、各区分された範囲についてのゲイン補正量を各範囲ごとに加算した値と、量子化正規化済み信号系列 $X^Q(\) [\{L_{min}, \dots, L_{max}\}]$ のサンプルのエネルギーが第十の所定値よりも大きいサンプルの個数を各区分された範囲内のサンプルのエネルギーが第十一の所定値よりも大きいサンプルの個数で除算した値とを乗算した値で量子化グローバルゲイン g^{\wedge} を補正することになる。

【0105】

10

これらの第一から第十一の所定値は、互いに異なる値であってもよいが、同じ値であることが好ましい。これらの第一から第十一の所定値は、後述する式 (B2) における α に対応する。

【0106】

ゲイン補正量符号化部 140 の処理が終わった後は、必要に応じて、合成部 160 が、正規化信号符号と、ゲイン補正量符号化部 140 で得られたゲイン補正量符号 idx と、グローバルゲイン符号をまとめたビットストリームを出力する。ビットストリームは復号装置 2 へ伝送される。

【0107】

<二区分部 151 が行なう区分処理の詳細>

20

二区分部 151 は、「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」又は「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数がなるべく等しくなるように区分する基準」に基づいて、区分対象範囲を 2 つの範囲に区分する。

【0108】

まず「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」での区分処理について説明し、次に「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数がなるべく等しくなるように区分する基準」での区分処理について説明する。

【0109】

以下、「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」を第 1 基準、「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数がなるべく等しくなるように区分する基準」を第 2 基準と略記することがある。

30

【0110】

「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」での区分処理は、例えば、区分対象範囲の第 1 の範囲を、

(a) 区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和と、区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の 2 分の 1 と、が最も近づくように、

または、

(b) 区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和と、区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の 2 分の 1 と、が最も近づくように、

または、

40

(c) 区分対象範囲の第 1 の範囲のサンプル数の合計が、区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和が区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の 2 分の 1 以上となる最小のサンプル数になるように、

または、

(d) 区分対象範囲の第 1 の範囲のサンプル数の合計が、区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和が区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の 2 分の 1 以上となる最小のサンプル数になるように、

または、

(e) 区分対象範囲の第 1 の範囲のサンプル数の合計が、区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和が区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の 2 分の

50

1 以下となる最大のサンプル数になるように、
または、

(f) 区分対象範囲の第 1 の範囲のサンプル数の合計が、区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和が区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の 2 分の 1 以下となる最大のサンプル数になるように、
求め、

区分対象範囲のうちの第 1 の範囲以外の範囲を、区分対象範囲の第 2 の範囲とすることで、区分対象範囲を 2 個の範囲に区分することにより行なわれる。

【 0 1 1 1 】

上記に例示した区分処理は、「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」による区分を、第 1 の範囲から順に逐次的に決定していく方法によって実現するものである。上記に例示した区分処理によれば、少ない演算処理量で「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」による区分を実現できる。

【 0 1 1 2 】

[第 1 基準による区分処理の第 1 例]

第 1 基準による区分処理の第 1 例を図 4 を用いて説明する。第 1 例の区分処理は上記の (a) に対応する。

【 0 1 1 3 】

図 4 は、区分対象範囲 $X^Q(\omega)$ [$\{l_{min}, \dots, l_{max}\}$] を $X^Q(\omega)$ [$\{l_{min}, \dots, l_{mid-1}\}$] と $X^Q(\omega)$ [$\{l_{mid}, \dots, l_{max}\}$] の 2 つの範囲に区分する例、具体的には、第 1 の範囲である低域と第 2 の範囲である高域との境界を表す情報として第 2 の範囲の最も低域側にあるサンプル番号である l_{mid} を決定する場合の例である。

【 0 1 1 4 】

まず、区分対象範囲 $X^Q(\omega)$ [$\{l_{min}, \dots, l_{max}\}$] の全サンプル $X^Q(l_{min}), \dots, X^Q(l_{max})$ の二乗和 pow を求める。二乗和 pow は、式 (2) によって求まる。

【 0 1 1 5 】

【 数 8 】

$$pow = \sum_{\omega=l_{min}}^{l_{max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2 \quad (2)$$

【 0 1 1 6 】

次に、式 (2) により求めた区分対象範囲 $X^Q(\omega)$ [$\{l_{min}, \dots, l_{max}\}$] の全サンプル $X^Q(l_{min}), \dots, X^Q(l_{max})$ の二乗和の 2 分の 1 と、区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプル $X^Q(l_{min}), \dots, X^Q(l_{mid-1})$ の値の二乗和との差が最小となるように、第 2 の範囲の最も低域側にあるサンプル番号である l_{mid} を求める。すなわち、 l_{mid} は式 (3) によって求まる。これにより第 1 の範囲が $X^Q(\omega)$ [$\{l_{min}, \dots, l_{mid-1}\}$] と決定する。

【 0 1 1 7 】

【 数 9 】

$$l_{mid} = \arg \min_{i \in \{l_{min}, \dots, l_{max}\}} \left(\left(\frac{pow}{2} - \sum_{\omega=l_{min}}^i |\hat{X}_Q(\omega)|^2 \right) + 1 \right) \quad (3)$$

【 0 1 1 8 】

そして、区分対象範囲 $X^Q(\omega)$ [$\{l_{min}, \dots, l_{max}\}$] の第 1 の範囲以外の範囲、すなわち、 $X^Q(\omega)$ [$\{l_{mid}, \dots, l_{max}\}$] を第 2 の範囲とする。

【 0 1 1 9 】

以上により、区分対象範囲 $X^Q(\omega)$ [$\{l_{min}, \dots, l_{max}\}$] は 2 つの範囲に区分される。

。

10

20

30

40

50

【 0 1 2 0 】

二区分部 1 5 1 が出力する区分情報は、 l_{mid} であってもよいし、 l_{mid} に予め定めた値を演算した値であってもよいし、第 1 の範囲のサンプル数 $l_{mid} - l_{min}$ であってもよいし、第 2 の範囲のサンプル数 $l_{max} - l_{mid} + 1$ であってもよいし、要は、第 1 の範囲と第 2 の範囲とを特定できる情報であれば何でもよい。

【 0 1 2 1 】

[第 1 基準による区分処理の第 2 例]

第 1 基準による区分処理の第 2 例は上記の(b)に対応する。第 2 例の区分処理は、第 1 例の区分処理における「二乗和」を「絶対値和」に置き換えた以外は、第 1 例の区分処理と同じ方法である。第 2 例の区分処理によれば、第 1 例の区分処理で行なう二乗計算を省略できる分、第 1 例の区分処理よりも少ない演算処理量で区分処理を行なうことが可能となる。

10

【 0 1 2 2 】

[第 1 基準による区分処理の第 3 例]

第 1 基準による区分処理の第 3 例を図 5 を用いて説明する。第 3 例の区分処理は上記の(c)に対応する。

【 0 1 2 3 】

図 5 は、区分対象範囲 $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ を $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と $X^Q(\) [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ の 2 つの範囲に区分する例、具体的には、第 1 の範囲である低域と第 2 の範囲である高域との境界を表す情報として第 2 の範囲の最も低域側にあるサンプル番号である l_{mid} を決定する場合の例である。

20

【 0 1 2 4 】

まず、区分対象範囲 $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ の全サンプル $X^Q(l_{min}), \dots, X^Q(l_{max})$ の二乗和 pow を求める。二乗和 pow は、式(2)によって求まる。

【 0 1 2 5 】

次に、離散周波数のインデックスの番号を l_{min} から順に増やしながらか区分対象範囲 $X^Q(\)$ の l_{min} から当該インデックスまでの二乗和 p_{low} が $p_{low} \leq pow/2$ を満たすか否かを判定し、初めて $p_{low} > pow/2$ を満たす場合の離散周波数のインデックスまでを第 1 の範囲とし、当該インデックスに 1 を加算したものを第 2 の範囲の最も低域側にあるサンプル番号であるインデックス l_{mid} として出力する。これにより第 1 の範囲が $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と決定する。

30

【 0 1 2 6 】

図 5 は、上記の処理を実現するためのフローチャートである。離散周波数のインデックスの初期値を l_{min} 、低域のエネルギー p_{low} の初期値を $|X^Q(l_{min})|^2$ に設定する。そして、 $p_{low} \leq pow/2$ を満たすか否かを判定する。 $p_{low} > pow/2$ を満たさない場合には、離散周波数のインデックスに 1 を加えたものを新たな l とし、 p_{low} に $X^Q(\)$ のエネルギー $|X^Q(\)|^2$ を加算したものを新たな p_{low} とする。 $p_{low} \leq pow/2$ を満たす場合には、その時点での離散周波数のインデックスに 1 を加えたものをインデックス l_{mid} として出力する。

40

【 0 1 2 7 】

そして、区分対象範囲 $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ の第 1 の範囲以外の範囲、すなわち、 $X^Q [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ を第 2 の範囲とする。

【 0 1 2 8 】

以上により、区分対象範囲 $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ は 2 つの範囲に区分される。

【 0 1 2 9 】

二区分部 1 5 1 が出力する区分情報は、 l_{mid} であってもよいし、 l_{mid} に予め定めた値を演算した値であってもよいし、第 1 の範囲のサンプル数 $l_{mid} - l_{min}$ であってもよいし、第 2 の範囲のサンプル数 $l_{max} - l_{mid} + 1$ であってもよいし、要は、第 1 の範囲と第 2 の範囲とを特定できる情報であれば何でもよい。

50

【 0 1 3 0 】

[第 1 基準による区分処理の第 4 例]

第 1 基準による区分処理の第 4 例は上記の(d)に対応する。第 4 例の区分処理は、第 3 例の区分処理における「二乗和」を「絶対値和」に置き換えた以外は、第 3 例の区分処理と同じ方法である。第 4 例の区分処理によれば、第 3 例の区分処理で行なう二乗計算を省略できる分、第 3 例の区分処理よりも少ない演算処理量で区分処理を行なうことが可能となる。

【 0 1 3 1 】

[第 1 基準による区分処理の第 5 例]

第 1 基準による区分処理の第 5 例を図 6 を用いて説明する。第 5 例の区分処理は上記の(e)に対応する。

10

【 0 1 3 2 】

図 6 は、区分対象範囲 $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ を $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と $X^Q(\) [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ の 2 つの範囲に区分する例、具体的には、第 1 の範囲である低域と第 2 の範囲である高域との境界を表す情報として第 2 の範囲の最も低域側にあるサンプル番号である l_{mid} を決定する場合の例である。

【 0 1 3 3 】

まず、区分対象範囲 $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ の全サンプル $X^Q(l_{min}), \dots, X^Q(l_{max})$ の二乗和 pow を求める。二乗和 pow は、式 (2) によって求まる。

【 0 1 3 4 】

次に、離散周波数のインデックス n の番号を l_{min} から順に増やしながらか区分対象範囲 $X^Q(\)$ の l_{min} から当該インデックスまでの二乗和 p_{low} が $p_{low} \geq pow/2$ を満たすか否かを判定し、初めて $p_{low} \geq pow/2$ を満たさなくなる場合の離散周波数のインデックス n から 1 を減算した離散周波数までを第 1 の範囲とし、当該インデックス n を第 2 の範囲の最も低域側にあるサンプル番号であるインデックス l_{mid} として出力する。これにより第 1 の範囲が $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と決定する。

20

【 0 1 3 5 】

図 6 は、上記の処理を実現するためのフローチャートである。離散周波数のインデックス n の初期値を l_{min} 、低域のエネルギー p_{low} の初期値を $|X^Q(l_{min})|^2$ に設定する。そして、 $p_{low} \geq pow/2$ を満たすか否かを判定する。 $p_{low} \geq pow/2$ を満たす場合には、離散周波数のインデックス n に 1 を加えたものを新たな n とし、 p_{low} に $X^Q(\)$ のエネルギー $|X^Q(\)|^2$ を加算したものを新たな p_{low} とする。 $p_{low} \geq pow/2$ を満たさない場合には、その時点での離散周波数のインデックス n をインデックス l_{mid} として出力する。

30

【 0 1 3 6 】

そして、区分対象範囲 $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ の第 1 の範囲以外の範囲、すなわち、 $X^Q [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ を第 2 の範囲とする。

【 0 1 3 7 】

以上により、区分対象範囲 $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ は 2 つの範囲に区分される。

【 0 1 3 8 】

二区分部 1 5 1 が出力する区分情報は、 l_{mid} であってもよいし、 l_{mid} に予め定めた値を演算した値であってもよいし、第 1 の範囲のサンプル数 $l_{mid} - l_{min}$ であってもよいし、第 2 の範囲のサンプル数 $l_{max} - l_{mid} + 1$ であってもよいし、要は、第 1 の範囲と第 2 の範囲とを特定できる情報であれば何でもよい。

40

【 0 1 3 9 】

[第 1 基準による区分処理の第 6 例]

第 1 基準による区分処理の第 6 例は上記の(f)に対応する。第 6 例の区分処理は、第 5 例の区分処理における「二乗和」を「絶対値和」に置き換えた以外は、第 5 例の区分処理と同じ方法である。第 6 例の区分処理によれば、第 5 例の区分処理で行なう二乗計算を省

50

略できる分、第5例の区分処理よりも少ない演算処理量で区分処理を行なうことが可能となる。

【0140】

次に、第2基準である「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数なるべく等しくなるように区分する基準」での区分処理について説明する。

【0141】

「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数なるべく等しくなるように区分する基準」での区分処理は、例えば、区分対象範囲の第1の範囲を、

(a) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数と、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(b) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数と、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(c) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数が、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の2分の1以上となる最小のサンプル数となるように、

または、

(d) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数が、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の2分の1以上となる最小のサンプル数となるように、

または、

(e) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数が、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の2分の1以下となる最大のサンプル数となるように、

または、

(f) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数が、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の2分の1以下となる最大のサンプル数となるように、

求め、

区分対象範囲のうちの第1の範囲以外の範囲を、区分対象範囲の第2の範囲とすることで、区分対象範囲を2個の範囲に区分することにより行なわれる。

【0142】

上記に例示した区分処理は、「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数なるべく等しくなるように区分する基準」による区分を、各範囲を逐次的に決定していく方法によって実現するものである。上記に例示した区分処理によれば、少ない演算処理量で「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数なるべく等しくなるように区分する基準」による区分を実現できる。

【0143】

[第2基準による区分処理の第1例]

第2基準による区分処理の第1例を図7を用いて説明する。第1例の区分処理は上記の(a)に対応する。

【 0 1 4 4 】

図7は、区分対象範囲 $X^{\wedge}_Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ を $X^{\wedge}_Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と $X^{\wedge}_Q(\) [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ の2つの範囲に区分する例、具体的には、第1の範囲である低域と第2の範囲である高域との境界を表す情報として第2の範囲の最も低域側にあるサンプル番号である l_{mid} を決定する場合の例である。

【 0 1 4 5 】

まず、各インデックス i について $f_{count}(\)$ を式 (B2) によって定める。各インデックス i についての $f_{count}(\)$ には、区分対象範囲 $X^{\wedge}_Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ のインデックス i に対応するサンプルのエネルギー $|X^{\wedge}_Q(\)|^2$ が所定値より大きいサンプルに対して「サンプルのエネルギー $|X^{\wedge}_Q(\)|^2$ が所定値より大きい」ことを表す情報として1を設定し、それ以外のサンプルに対して「サンプルのエネルギー $|X^{\wedge}_Q(\)|^2$ が所定値より大きくない」ことを表す情報として0を設定する。この例では所定値を任意に予め定めた微小量 ϵ (ϵ は0以上の値) とする。

【 0 1 4 6 】

【 数 1 0 】

$$f_{count}(\omega) = \begin{cases} 1 & \text{if } \epsilon < |\hat{X}_Q(\omega)|^2 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad \text{for each } \omega \quad (B2)$$

【 0 1 4 7 】

次に、区分対象範囲に含まれる全てのサンプル $X^{\wedge}_Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ のうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数 $f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(l_{max})$ の2分の1と、区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプル $X^{\wedge}_Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ のうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数 $f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(l_{mid}-1)$ との差分値 (差の絶対値) が最小となるように、第2の範囲の最も低域側にあるサンプル番号である l_{mid} を求める。すなわち、 l_{mid} は式 (B3) によって求まる。これにより第1の範囲が $X^{\wedge}_Q [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と決定する。

【 0 1 4 8 】

【 数 1 1 】

$$l_{mid} = \arg \min_{i \in \{ l_{min}, \dots, l_{max} \}} \left(\left| \frac{1}{2} \sum_{\omega=l_{min}}^{l_{max}} f_{count}(\omega) - \sum_{\omega=l_{min}}^i f_{count}(\omega) \right| \right) + 1 \quad (B3)$$

【 0 1 4 9 】

そして、区分対象範囲 $X^{\wedge}_Q [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ の第1の範囲以外の範囲、すなわち、 $X^{\wedge}_Q [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ を第2の範囲とする。

【 0 1 5 0 】

以上により、区分対象範囲 $X^{\wedge}_Q [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ は2つの範囲に区分される。

【 0 1 5 1 】

二区分部 1 5 1 が出力する区分情報は、 l_{mid} であってもよいし、 l_{mid} に予め定めた値を演算した値であってもよいし、第1の範囲のサンプル数 $l_{mid}-1 - l_{min} + 1$ であってもよいし、第2の範囲のサンプル数 $l_{max} - l_{mid} + 1$ であってもよいし、要は、第1の範囲と第2の範囲とを特定できる情報であれば何でもよい。

【 0 1 5 2 】

[第2基準による区分処理の第2例]

第2基準による区分処理の第2例は上記の(b)に対応する。第2例の区分処理は、第1例の区分処理における「サンプルのエネルギー $|X^{\wedge}_Q(\)|^2$ 」を「サンプルの絶対値 $|X^{\wedge}_Q(\)|$ 」に置き換えた以外は、第1例の区分処理と同じ方法である。第2例の区分処理によれば、第1例の区分処理で行なう二乗計算を省略できる分、第1例の区分処理より少ない演算処理量で区分処理を行なうことが可能となる。

10

20

30

40

50

【 0 1 5 3 】

[第 2 基準による区分処理の第 3 例]

第 2 基準による区分処理の第 3 例を図 8 を用いて説明する。第 3 例の区分処理は上記の (c) に対応する。

【 0 1 5 4 】

図 8 は、区分対象範囲 $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ を $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と $X^Q(\) [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ の 2 つの範囲に区分する例、具体的には、第 1 の範囲である低域と第 2 の範囲である高域との境界を表す情報として第 2 の範囲の最も低域側にあるサンプル番号である l_{mid} を決定する場合の例である。

【 0 1 5 5 】

まず、各インデックス k について $f_{count}(k)$ を式 (B 2) によって定める。

【 0 1 5 6 】

次に、区分対象範囲に含まれる全てのサンプル $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ のうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数 $f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(l_{max})$ を求める。

【 0 1 5 7 】

次に、離散周波数のインデックス k の番号 k を l_{min} から順に増やしながらか l_{min} から当該インデックス k までの区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数 $f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(k)$ が $(f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(l_{max}))/2$ 以上であるか否かを判定し、初めて $f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(k)$ が $(f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(l_{max}))/2$ 以上となる離散周波数のインデックス k までを第 1 の範囲とし、当該インデックス k に 1 を加算したものを第 2 の範囲の最も低域側にあるサンプル番号であるインデックス l_{mid} として出力する。これにより第 1 の範囲が $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と決定する。

【 0 1 5 8 】

そして、区分対象範囲 $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ の第 1 の範囲以外の範囲、すなわち、 $X^Q [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ を第 2 の範囲とする。

【 0 1 5 9 】

以上により、区分対象範囲 $X^Q [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ は 2 つの範囲に区分される。

【 0 1 6 0 】

二区分部 1 5 1 が出力する区分情報は、 l_{mid} であってもよいし、 l_{mid} に予め定めた値を演算した値であってもよいし、第 1 の範囲のサンプル数 $l_{mid} - l_{min}$ であってもよいし、第 2 の範囲のサンプル数 $l_{max} - l_{mid} + 1$ であってもよいし、要は、第 1 の範囲と第 2 の範囲とを特定できる情報であれば何でもよい。

【 0 1 6 1 】

[第 2 基準による区分処理の第 4 例]

第 2 基準による区分処理の第 4 例は上記の (d) に対応する。第 4 例の区分処理は、第 3 例の区分処理における「サンプルのエネルギー $|X^Q(\)|^2$ 」を「サンプルの絶対値 $|X^Q(\)|$ 」に置き換えた以外は、第 3 例の区分処理と同じ方法である。第 4 例の区分処理によれば、第 3 例の区分処理で行なう二乗計算を省略できる分、第 3 例の区分処理よりも少ない演算処理量で区分処理を行なうことが可能となる。

【 0 1 6 2 】

[第 2 基準による区分処理の第 5 例]

第 2 基準による区分処理の第 5 例を図 9 を用いて説明する。第 5 例の区分処理は上記の (e) に対応する。

【 0 1 6 3 】

図 9 は、区分対象の区分対象範囲 $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ を $X^Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{mid}-1 \}]$ と $X^Q(\) [\{ l_{mid}, \dots, l_{max} \}]$ の 2 つの範囲に区分する例、具体的には、第 1 の範囲である低域と第 2 の範囲である高域との境界を表す情報とし

10

20

30

40

50

て第2の範囲の最も低域側にあるサンプル番号である l_{mid} を決定する場合の例である。

【0164】

まず、各インデックス i について $f_{count}(i)$ を式 (B2) によって定める。

【0165】

次に、区分対象範囲に含まれる全てのサンプル $X^Q(i)$ [$\{l_{min}, \dots, l_{max}\}$] のうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数 $f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(l_{max})$ を求める。

【0166】

次に、離散周波数のインデックス k の番号 k を l_{min} から順に増やしながらか l_{min} から当該インデックス k までの区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいサンプルの個数 $f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(k)$ が $(f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(l_{max}))/2$ より大であるか否かを判定し、初めて $f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(k)$ が $(f_{count}(l_{min}) + \dots + f_{count}(l_{max}))/2$ より大となる離散周波数のインデックス k より1小さい $k-1$ までを第1の範囲とし、当該インデックス k を第2の範囲の最も低域側にあるサンプル番号であるインデックス l_{mid} として出力する。これにより第1の範囲が X^Q [$\{l_{min}, \dots, l_{mid}-1\}$] と決定する。

10

【0167】

そして、区分対象範囲 X^Q [$\{l_{min}, \dots, l_{max}\}$] の第1の範囲以外の範囲、すなわち、 X^Q [$\{l_{mid}, \dots, l_{max}\}$] を第2の範囲とする。

【0168】

以上により、区分対象範囲 X^Q [$\{l_{min}, \dots, l_{max}\}$] は2つの範囲に区分される。

20

【0169】

二区分部151が出力する区分情報は、 l_{mid} であってもよいし、 l_{mid} に予め定めた値を演算した値であってもよいし、第1の範囲のサンプル数 $l_{mid} - l_{min}$ であってもよいし、第2の範囲のサンプル数 $l_{max} - l_{mid} + 1$ であってもよいし、要は、第1の範囲と第2の範囲とを特定できる情報であれば何でもよい。

【0170】

[第2基準による区分処理の第6例]

第2基準による区分処理の第6例は上記の(f)に対応する。第6例の区分処理は、第5例の区分処理における「サンプルのエネルギー $|X^Q(i)|^2$ 」を「サンプルの絶対値 $|X^Q(i)|$ 」に置き換えた以外は、第5例の区分処理と同じ方法である。第6例の区分処理によれば、第5例の区分処理で行なう二乗計算を省略できる分、第5例の区分処理より少ない演算処理量で区分処理を行なうことが可能となる。

30

【0171】

なお、符号化装置1から復号装置2へビットストリームを伝送する実施構成に限定されず、例えば、合成部160によって得られた情報を記録媒体に記録し、当該記録媒体から読み出された当該情報が復号装置2に入力される実施構成も許容される。

【0172】

第1実施形態の復号装置2 (図13参照) は、正規化信号復号部107、グローバルゲイン復号部106、区分部260及び復元部250を含む。復号装置2は必要に応じて分離部210、時間領域変換部270を含んでもよい。

40

【0173】

以下、復号装置2 (decoder) での処理を説明する (図14参照)。

【0174】

符号化装置1から送信されたビットストリームは復号装置2に入力される。分離部210が、ビットストリームから、正規化信号符号と、グローバルゲイン符号と、ゲイン補正量符号 idx を取り出す。

【0175】

< 正規化信号復号部107 >

50

正規化信号復号部 107 には、正規化信号符号が入力される。正規化信号復号部 107 が、符号化装置 1 の正規化信号符号化部 120 が行う符号化方法と対応する復号方法を適用して、正規化信号符号を復号して復号正規化済み信号系列 $X^Q(\) [\{ L_{min}, \dots, L_{max} \}]$ を得る (ステップ S1d)。この例では、符号化装置 1 に対応して説明を行なうため、 L は離散周波数のインデックスを表すものとし、 L 点の離散周波数の各成分を L_{min} から L_{max} のそれぞれで表すものとする。正規化信号復号部 107 は、[背景技術]欄で説明した図 1 の正規化信号復号部 107 と同じ動作をする。

【0176】

<グローバルゲイン復号部 106 >

グローバルゲイン復号部 106 には、グローバルゲイン符号が入力される。グローバルゲイン復号部 160 は、当該グローバルゲイン符号を復号し、復号グローバルゲイン g^A を出力する (ステップ S2d)。グローバルゲイン復号部 106 が行う復号処理は、グローバルゲイン符号化部 105 が行う符号化処理に対応する処理であり、[背景技術]欄のグローバルゲイン復号部 106 でも説明した通りの周知技術である。

【0177】

<区分部 260 >

区分部 260 には、復号正規化済み信号系列 $X^Q(\) [\{ L_{min}, \dots, L_{max} \}]$ 、ゲイン補正量符号 idx 、ゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数が少なくとも入力される。区分部 260 は、復号正規化済み信号系列 $X^Q(\) [\{ L_{min}, \dots, L_{max} \}]$ を 3 つ以上の範囲に区分する (ステップ S3d)。区分についての情報である区分情報は、復元部 250 に送信される。

【0178】

区分部 260 は、二区分部 261 を含む。二区分部 261 は、区分対象範囲を 2 つの範囲に区分する。二区分部 261 の処理の詳細については、後述する。

【0179】

二区分部 261 による区分処理は、二区分部 261 の区分処理で得られる 2 つの区分された範囲にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行される。これにより、復号正規化済み信号系列 $X^Q(\) [\{ L_{min}, \dots, L_{max} \}]$ は、3 つ以上の範囲に区分される。

【0180】

第 1 回目の二区分部 261 の処理は、復号正規化済み信号系列 $X^Q(\) [\{ L_{min}, \dots, L_{max} \}]$ を区分対象範囲とすることにより行われる。

【0181】

n を 1 以上の各整数として、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 261 の処理のそれぞれは、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部 261 の処理で得られる 2^n 個の範囲のうち何れか 1 つの範囲を区分対象範囲とすることにより行われる。

【0182】

以下、図 15 を参照しながら、区分部 260 の処理の一例について説明する。

【0183】

制御部 280 は、余剰ビット数 u をゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数 U とすることにより、余剰ビット数 u の値を初期化する (ステップ S3d0)。

【0184】

制御部 280 は、余剰ビット数 u が 0 より大であるか判定する (ステップ S3d1)。

【0185】

ステップ S3d1 において、余剰ビット数 u が 0 より大でない判定された場合には、ステップ S3d の処理を終了する。

【0186】

ステップ S3d1 において、余剰ビット数 u が 0 より大であると判定された場合には、制御部 280 は、二区分部 261 による今回の処理の対象となる範囲である区分対象範囲

10

20

30

40

50

を決定する（ステップS3d2）。区分対象範囲についての情報は、二区分部261に送信される。

【0187】

前回の二区分部261の処理が第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の処理であり、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の処理で区分して得られた 2^n 個の範囲のうち区分対象範囲となっていない範囲が残っている場合には、制御部280は、この残っている範囲の何れか1つの範囲を、区分対象範囲 $[l_{min}, l_{max}]$ とする。

【0188】

n を1以上の整数として、前回の二区分部261の処理が第 $2^{n+1} - 1$ 回目の処理であり、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の処理で区分して得られた 2^n 個の範囲のうち区分対象範囲となっていない範囲が残っていない場合、制御部280は、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の処理で区分して得られた 2^{n+1} 個の範囲のうち何れか1つの範囲を、区分対象範囲 $[l_{min}, l_{max}]$ とする。

10

【0189】

前回の二区分部261の処理が1回目の処理である場合、制御部280は、1回目の処理で区分して得られた2個の範囲のうち何れか1つの範囲を、区分対象範囲 $[l_{min}, l_{max}]$ とする。

【0190】

二区分部261は、符号化装置1の二区分部151と同じ基準で区分対象範囲を決定する。これにより、復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}(\) [\{L_{min}, \dots, L_{max}\}]$ は、符号化装置1における量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{L_{min}, \dots, L_{max}\}]$ の区分と同様に区分される。

20

【0191】

二区分部261は、区分対象範囲を2つの範囲に区分する（ステップS3d3）。区分対象範囲を $[l_{min}, l_{max}]$ と表記し、区分された範囲のうち、低域側の範囲を $[l_{min}, l_{mid} - 1]$ 、高域側の範囲を $[l_{mid}, l_{max}]$ と表記する。この区分についての情報である区分情報が、復元部250に提供される。二区分部261の処理の詳細については、後述する。

【0192】

制御部280は、 $u - u_{Me}$ として、余剰ビットの数 u を Me だけデクリメントする（ステップS3d5）。すなわち、 u から Me を減じた値を新たな u の値とする。その後、ステップS3d1に戻る。

30

【0193】

Me は、今回の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量を表すビットの数である。この2つのゲイン補正量を表すビットの数は、ゲイン補正量符号 idx に含まれる、今回の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量についての符号のビットとの数を計算することにより例えば得られる。 Me は、所定の固定値でもよいし、二区分部261で区分された2つの区分された範囲ごとに異なることもある。

【0194】

このようにして、ステップS3d1からステップS3d5の処理は、余剰ビットの数 u が0より大きい限りは繰り返される。換言すれば、二区分部261の処理は、二区分部261の区分処理で得られる2つの区分された範囲にそれぞれ対応する2つのゲイン補正量を表すビットの数の合計がゲイン補正量符号用に割り当てられたビット数以下となる回数の範囲内で実行される。

40

【0195】

[区分部260の変形例1]

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部261の処理は、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部261の処理で得られた 2^n 個の範囲のうち、聴覚的な重要度が高い範囲から順に区分対象範囲とすることにより行なわれてもよい。

【0196】

50

[区分部 2 6 0 の変形例 2]

また、一般的には、周波数が低い帯域の方が、周波数が高い帯域よりも、聴覚的な重要度が高いことが多い。このため、入力信号系列が周波数領域の信号系列である場合には、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 2 6 1 の処理は、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部 2 6 1 の処理で得られた 2^n 個の範囲のうち、周波数が低い範囲から順に区分対象範囲とすることにより行なわれてもよい。

【 0 1 9 7 】

< 復元部 2 5 0 >

復元部 2 5 0 は、図 1 3 に示すように、記憶部 2 5 1 及び乗算部 2 5 2 を例えば備えている。

10

【 0 1 9 8 】

復元部 2 5 0 には、ゲイン補正量符号 idx 、復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{ L_{min}, \dots, L_{max} \}$] 及び復号グローバルゲイン g^{\wedge} が少なくとも入力される。

【 0 1 9 9 】

復元部 2 5 0 は、ゲイン補正量符号 idx を復号して得られる各区分された範囲についての少なくとも 1 つのゲイン補正量で復号グローバルゲイン g^{\wedge} を補正して得られるゲインを各区分された範囲ごとに復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{ L_{min}, \dots, L_{max} \}$] の各サンプルの値にを乗算して得られる信号系列を出力信号系列として得る (ステップ S 4 d)。

【 0 2 0 0 】

20

ゲイン補正量による復号グローバルゲイン g^{\wedge} の補正の一例は、ゲイン補正量と量子化グローバルゲイン g^{\wedge} との加算である。

【 0 2 0 1 】

各区分された範囲についての少なくとも 1 つのゲイン補正量とは、その各区分された範囲に対応するゲイン補正量、及び、その各区分された範囲を含む範囲に対応するゲイン補正量のことである。その各区分された範囲を含む範囲が存在しない場合には、その各区分された範囲についてのゲイン補正量は、その各区分された範囲に対応するゲイン補正量のことである。

【 0 2 0 2 】

例えば、図 1 0 に示すように、復号正規化済み信号系列が 4 個の範囲に区分されているとする。この例では、復号正規化済み信号系列は、第 1 の範囲 R 1、第 2 の範囲 R 2、第 3 の範囲 R 3 及び第 4 の範囲 R 4 に区分されている。第 1 の範囲 R 1 は区間 $[L_{min}, L_{(1)} - 1]$ であり、第 2 の範囲 R 2 は区間 $[L_{(1)}, L_{(2)} - 1]$ であり、第 3 の範囲 R 3 は区間 $[L_{(2)}, L_{(3)} - 1]$ であり、第 4 の範囲 R 4 は区間 $[L_{(3)}, L_{max}]$ である。図 1 0 の横軸は、サンプル番号を表す。範囲 R 1 及び範囲 R 2 は、第 1 回目の二区分部 2 6 1 の処理で得られた範囲 R 1 2 に含まれる。また、範囲 R 3 及び範囲 R 4 は、第 1 回目の二区分部 2 6 1 の処理で得られた範囲 R 3 4 に含まれる。

30

【 0 2 0 3 】

したがって、範囲 R 1 についての少なくとも 1 つのゲイン補正量は、範囲 R 1 に対応するゲイン補正量及び範囲 R 1 2 に対応するゲイン補正量である。範囲 R 2 についての少なくとも 1 つのゲイン補正量は、範囲 R 2 に対応するゲイン補正量及び範囲 R 1 2 に対応するゲイン補正量である。範囲 R 3 についての少なくとも 1 つのゲイン補正量は、範囲 R 3 に対応するゲイン補正量及び範囲 R 3 4 に対応するゲイン補正量である。範囲 R 4 についての少なくとも 1 つのゲイン補正量は、範囲 R 4 に対応するゲイン補正量及び範囲 R 3 4 に対応するゲイン補正量である。

40

【 0 2 0 4 】

範囲 R 1 2 及び範囲 R 3 4 にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量に Mc 個のビットが割り当てられており、範囲 R 1 及び範囲 R 2 にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量に Ma 個のビットが割り当てられており、範囲 R 3 及び範囲 R 4 にそれぞれ対応する 2 つのゲイン補正量に Mb 個のビットが割り当てられているとする。

50

【 0 2 0 5 】

各範囲に対応するゲイン補正量は、符号化装置 1 のゲイン補正量符号化部 1 4 0 が行う符号化処理に対応する復号処理により得ることができる。ここでは、図 1 0 に示すように範囲が区分されており、隣接する 2 つの範囲に対応するゲイン補正量をベクトル量子化の復号により得る場合を例に挙げて説明する。

【 0 2 0 6 】

この例では、範囲 R 1 及び範囲 R 2 がグループ G 1 2 を構成しており、範囲 R 3 及び範囲 R 4 がグループ G 3 4 を構成しており、範囲 R 1 2 及び範囲 R 3 4 がグループ G 1 2 3 4 を構成している。すなわち、各グループを構成する範囲は、以下ようになる。

【 0 2 0 7 】

グループ G 1 2 = { 範囲 R 1 , 範囲 R 2 }

グループ G 3 4 = { 範囲 R 3 , 範囲 R 4 }

グループ G 1 2 3 4 = { 範囲 R 1 2 , 範囲 R 3 4 }

ベクトル量子化の復号は、これらのグループ G 1 2 , G 3 4 , G 1 2 3 4 のそれぞれで行われる。

【 0 2 0 8 】

具体的には、次の 3 つのベクトル量子化の復号が行なわれる。第 1 のベクトル量子化の復号は、グループ G 1 2 についてのベクトル量子化の復号、すなわち範囲 R 1 に対応するゲイン補正量と範囲 R 2 に対応するゲイン補正量とのベクトル量子化の復号である。これを以下では「第 1 V Q」という。第 2 のベクトル量子化の復号は、グループ G 3 4 についてのベクトル量子化の復号、すなわち範囲 R 3 に対応するゲイン補正量と範囲 R 4 に対応するゲイン補正量とのベクトル量子化の復号である。これを以下では「第 2 V Q」という。第 3 のベクトル量子化の復号は、グループ G 1 2 3 4 についてのベクトル量子化の復号、すなわち範囲 R 1 2 に対応するゲイン補正量と範囲 R 3 4 に対応するゲイン補正量とのベクトル量子化の復号である。これを以下では「第 3 V Q」という。

【 0 2 0 9 】

復元部 2 5 0 の記憶部 2 5 1 には、範囲 R 1 に対応するゲイン補正量の候補 $c_1(ma)$ と、範囲 R 2 に対応するゲイン補正量の候補 $c_2(ma)$ と、これらのゲイン補正量の候補を特定する符号 $idx_{12}(ma)$ との組が 2^{Ma} 個 (2 の Ma 乗個、 Ma は 1 以上の整数、 $ma \in \{1, \dots, 2^{Ma}\}$) 格納されている。具体的には、 $c_1(1)$ と $c_2(1)$ と $idx_{12}(1)$ との組、 $c_1(2)$ と $c_2(2)$ と $idx_{12}(2)$ との組、...、 $c_1(2^{Ma})$ と $c_2(2^{Ma})$ と $idx_{12}(2^{Ma})$ との組が第 1 V Q のゲイン補正量コードブックとして記憶部 2 5 1 に格納されている。符号 $idx_{12}(ma)$ のビット数は Ma ビットである。

【 0 2 1 0 】

a 個 (この例では $a = 2$) のゲイン補正量の候補で構成されたベクトルを、ゲイン補正量候補ベクトルと呼ぶことにすると、第 1 V Q のゲイン補正量コードブックには、 $c_1(1)$ 及び $c_2(1)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、 $c_1(2)$ 及び $c_2(2)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、...、 $c_1(2^{Ma})$ 及び $c_2(2^{Ma})$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトルの計 2^{Ma} 個のゲイン補正量候補ベクトルと、計 2^{Ma} 個のゲイン補正量候補ベクトルとそれぞれ対応する計 2^{Ma} 個の符号 $idx_{12}(1)$, $idx_{12}(2)$, ... , $idx_{12}(2^{Ma})$ が格納されていると考えることができる。

【 0 2 1 1 】

また、記憶部 2 5 1 には、範囲 R 3 に対応するゲイン補正量の候補 $c_3(mb)$ と、範囲 R 4 に対応するゲイン補正量の候補 $c_4(mb)$ と、これらのゲイン補正量の候補を特定する符号 $idx_{34}(mb)$ との組が 2^{Mb} 個 (2 の Mb 乗個、 Mb は 1 以上の整数、 $mb \in \{1, \dots, 2^{Mb}\}$) 格納されている。具体的には、 $c_3(1)$ と $c_4(1)$ と $idx_{34}(1)$ との組、 $c_3(2)$ と $c_4(2)$ と $idx_{34}(2)$ との組、...、 $c_3(2^{Mb})$ と $c_4(2^{Mb})$ と $idx_{34}(2^{Mb})$ との組が第 2 V Q のゲイン補正量コードブックとして記憶部 2 5 1 に格納されている。 Mb は Ma と同じ値であっても異なる値であってもよい。符号 $idx_{34}(mb)$ のビット数は Mb ビットである。

【 0 2 1 2 】

10

20

30

40

50

第2 V Qのゲイン補正量コードブックには、 $g_{34}(1)$ 及び $g_{12}(1)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、 $g_{34}(2)$ 及び $g_{12}(2)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、...、 $g_{34}(2^{M^b})$ 及び $g_{12}(2^{M^b})$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトルの計 2^{M^b} 個のゲイン補正量候補ベクトルと、計 2^{M^b} 個のゲイン補正量候補ベクトルとそれぞれ対応する計 2^{M^b} 個の符号 $idx_{34}(1)$ 、 $idx_{34}(2)$ 、...、 $idx_{34}(2^{M^b})$ が格納されていると考えてもよい。

【0213】

さらに、記憶部251には、範囲R12のゲイン補正量の候補 $g_{12}(mc)$ と、範囲R34のゲイン補正量の候補 $g_{34}(mc)$ と、これらのゲイン補正量の候補を特定する符号 $idx_{1234}(mc)$ との組が 2^{M^c} 個(2の M^c 乗個、 M^c は1以上の整数、 $mc \in \{1, \dots, 2^{M^c}\}$)格納されている。具体的には、 $g_{12}(1)$ と $g_{34}(1)$ と $idx_{1234}(1)$ との組、 $g_{12}(2)$ と $g_{34}(2)$ と $idx_{1234}(2)$ との組、...、 $g_{12}(2^{M^c})$ と $g_{34}(2^{M^c})$ と $idx_{1234}(2^{M^c})$ との組が第3 V Qのゲイン補正量コードブックとして記憶部251に格納されている。 M^c は M^a と同じ値であっても異なる値であってもよい。また、 M^c は M^b と同じ値であっても異なる値であってもよい。符号 $idx_{1234}(mc)$ のビット数は M^c ビットである。

10

【0214】

第3 V Qのゲイン補正量コードブックには、 $g_{12}(1)$ 及び $g_{34}(1)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、 $g_{12}(2)$ 及び $g_{34}(2)$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトル、...、 $g_{12}(2^{M^c})$ 及び $g_{34}(2^{M^c})$ で構成されたゲイン補正量候補ベクトルの計 2^{M^c} 個のゲイン補正量候補ベクトルと、計 2^{M^c} 個のゲイン補正量候補ベクトルとそれぞれ対応する計 2^{M^c} 個の符号 $idx_{1234}(1)$ 、 $idx_{1234}(2)$ 、...、 $idx_{1234}(2^{M^c})$ が格納されていると考えてもよい。

20

【0215】

このように、各区分された範囲には、複数個のゲイン補正量の候補が対応付けされている。この例では、範囲R1には $g_1(1), \dots, g_1(2^{M^a})$ が対応付けされており、範囲R2には $g_2(1), \dots, g_2(2^{M^a})$ が対応付けされており、範囲R3には $g_3(1), \dots, g_3(2^{M^b})$ が対応付けされており、範囲R4には $g_4(1), \dots, g_4(2^{M^b})$ が対応付けされており、範囲R12には $g_{12}(1), \dots, g_{12}(2^{M^c})$ が対応付けされており、範囲R34には $g_{34}(1), \dots, g_{34}(2^{M^c})$ が対応付けされている。

【0216】

このとき、復元部250は、まずゲイン補正量符号 idx を構成する各範囲に対応する符号を記憶部251に記憶されたゲイン補正量コードブックを用いて復号して、各範囲に対応するゲイン補正量を得る。

30

【0217】

そして、復元部250は、以下の式により、範囲R1の出力信号系列 $X^{(1)}[L_{min}, \dots, L_{(1)}-1]$ を得る。

【0218】

$$X^{(1)} = (g^{+12} + g_1) X^Q \quad (F5)$$

すなわち、復元部250は、範囲R1についてのゲイン補正量である g^{+12} と g_1 を用いて復号グローバルゲイン g^{+} の補正を行い、この補正されたゲイン $g^{+12} + g_1$ と復号正規化済み信号系列 $X^Q[L_{min}, \dots, L_{(1)}-1]$ の各サンプルの値とを乗算して、範囲R1の出力信号系列 $X^{(1)}[L_{min}, \dots, L_{(1)}-1]$ を得る。

40

【0219】

また、復元部250は、以下の式により、範囲R2の出力信号系列 $X^{(2)}[L_1, \dots, L_{(2)}-1]$ を得る。

【0220】

$$X^{(2)} = (g^{+12} + g_2) X^Q \quad (F6)$$

すなわち、復元部250は、範囲R2についてのゲイン補正量である g^{+12} と g_2 を用いて復号グローバルゲイン g^{+} の補正を行い、この補正されたゲイン $g^{+12} + g_2$ と復号正規化済み信号系列 $X^Q[L_{(1)}, \dots, L_{(2)}-1]$ の各サンプルの値とを乗算して、範囲R2の出力信号系列 $X^{(2)}[L_{(1)}, \dots, L_{(2)}-1]$ を得る。

【0221】

50

また、復元部 250 は、以下の式により、範囲 R3 の出力信号系列 $X^{(n)} [\{ L_{(2)}, \dots, L_{(3)} - 1 \}]$ を得る。

【0222】

$$X^{(n)} = (g^{+34} + \beta_3) X^{(n)}_{Q(n)} \quad (F7)$$

すなわち、復元部 250 は、範囲 R3 についてのゲイン補正量である β_3 と β_3 を用いて復号グローバルゲイン g^{+} の補正を行い、この補正されたゲイン $g^{+34} + \beta_3$ と復号正規化済み信号系列 $X^{(n)}_{Q(n)} [\{ L_{(2)}, \dots, L_{(3)} - 1 \}]$ の各サンプルの値とを乗算して、範囲 R3 の出力信号系列 $X^{(n)} [\{ L_{(2)}, \dots, L_{(3)} - 1 \}]$ を得る。

【0223】

また、復元部 250 は、以下の式により、範囲 R4 の出力信号系列 $X^{(n)} [\{ L_{(3)}, \dots, L_{max} \}]$ を得る。

【0224】

$$X^{(n)} = (g^{+34} + \beta_4) X^{(n)}_{Q(n)} \quad (F8)$$

すなわち、復元部 250 は、範囲 R4 についてのゲイン補正量である β_4 と β_4 を用いて復号グローバルゲイン g^{+} の補正を行い、この補正されたゲイン $g^{+34} + \beta_4$ と復号正規化済み信号系列 $X^{(n)}_{Q(n)} [\{ L_{(3)}, \dots, L_{max} \}]$ の各サンプルの値とを乗算して、範囲 R4 の出力信号系列 $X^{(n)} [\{ L_{(3)}, \dots, L_{max} \}]$ を得る。

【0225】

[復元部 250 の変形例 1]

第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 261 の処理で得られる 2 つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部 261 の処理で得られる 2 つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補の絶対値よりも小さくてもよい。

【0226】

復号正規化済み信号系列が 4 個の範囲に区分されている図 10 に示す例だと、範囲 R1 に対応するゲイン補正量の候補 $\beta_1(ma)$ の絶対値と、範囲 R2 に対応するゲイン補正量の候補 $\beta_2(ma)$ の絶対値と、範囲 R3 に対応するゲイン補正量の候補 $\beta_3(mb)$ の絶対値と、範囲 R4 に対応するゲイン補正量の候補 $\beta_4(mb)$ の絶対値とが、範囲 R12 のゲイン補正量の候補 $\beta_{12}(mc)$ の絶対値及び範囲 R34 のゲイン補正量の候補 $\beta_{34}(mc)$ の絶対値よりも小さくてもよい。

【0227】

$$| \beta_{12}(mc) |, | \beta_{34}(mc) | > | \beta_1(ma) |, | \beta_2(ma) |, | \beta_3(mb) |, | \beta_4(mb) |$$

[復元部 250 の変形例 2]

ゲイン補正量候補ベクトルは、例えば次のようにして生成することができる。

【0228】

記憶部 251 には、2 個の値で構成される正規化ゲイン補正量候補ベクトルがその正規化ゲイン補正量候補ベクトルを特定する符号と共に複数格納されているとする。正規化ゲイン補正量候補ベクトルを構成する 2 個の値を $\beta^1(i)$, $\beta^2(i)$ と表記すると、正規化ゲイン補正量候補ベクトルは $(\beta^1(i), \beta^2(i))$ と表記することができる。記憶部 251 には、例えば、 2^E 個の正規化ゲイン補正量候補ベクトル、すなわち $(\beta^1(1), \beta^2(1)), \dots, (\beta^1(2^E), \beta^2(2^E))$ が格納されている。E は、所定の整数であり、例えば Me である。

【0229】

二区分部 261 の処理で得られる 2 つの区分された範囲には、その二区分部 261 の処理の回数に応じて所定の係数が対応付けられているものとする。例えば、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部 261 の処理に対応する所定の係数の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部 261 の処理に対応する所定の係数の絶対値よりも小さいように対応付けがされている。

【0230】

このとき、正規化ゲイン補正量候補ベクトルに、二区分部 261 の処理の回数に対応する所定の係数を乗算したベクトルを、その回数目の二区分部 261 の処理で得られる 2 つ

10

20

30

40

50

の区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトルとする。言い換えれば、正規化ゲイン補正量候補ベクトル($g_1(i)$, $g_2(i)$)を構成する2個の値 $g_1(i)$, $g_2(i)$ のそれぞれに、二区分部261の処理の回数に対応する所定の係数stepを乗算することにより得られた2個の値step $g_1(i)$, step $g_2(i)$ により構成されるベクトル(step $g_1(i)$, step $g_2(i)$)を、その回数目の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトルとする。この乗算は、復元部250の乗算部252により行われる。正規化ゲイン補正量候補ベクトル($g_1(i)$, $g_2(i)$)が 2^E 個ある場合には、 $i=1, \dots, 2^E$ のそれぞれについてこの乗算を行うことにより、 2^E 個のゲイン補正量候補ベクトル(step $g_1(i)$, step $g_2(i)$)が得られる。

【0231】

10

[復元部250の変形例3]

二区分部261による各回数目の処理で得られる2つの区分された範囲のそれぞれに対応するゲイン補正量の候補をそのゲイン補正量の候補を特定する符号と共に、ひとつのゲイン補正量コードブックとして記憶部251に格納しておいてもよい。例えば、 n を0以上の各整数として、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(n)}(i)$, $g_2^{(n)}(i)$)が、そのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(n)}(i)$, $g_2^{(n)}(i)$)を特定する符号idx(i)と共に記憶部251に格納されているとする。

【0232】

すなわち、図12に例示するように、 n の最大値を n_{max} として、1回目($n=0$)の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(0)}(i)$, $g_2^{(0)}(i)$)[$i=1, \dots, 2^E$]、2回目($n=1$)から3回目の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(1)}(i)$, $g_2^{(1)}(i)$)[$i=1, \dots, 2^E$]、4回目($n=2$)から7回目の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(2)}(i)$, $g_2^{(2)}(i)$)[$i=1, \dots, 2^E$]、...、第 $2^{n_{max}}$ 回目($n=n_{max}$)から第 $2^{n_{max}+1} - 1$ 回目の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(n_{max})}(i)$, $g_2^{(n_{max})}(i)$)[$i=1, \dots, 2^E$]が、そのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(n)}(i)$, $g_2^{(n)}(i)$)を特定する符号idx(i)と共に記憶部141に格納されているとする。

20

【0233】

二区分部261の処理が行われる回数を D (D は n_{max} 以下の整数)とすると、符号idx(i)で特定されるゲイン補正量候補ベクトルは、 $A = \sum_{d=1}^D 2^d$ として、 A 個のゲイン補正量の候補で構成されていると考えてもよい。

30

【0234】

このとき、例えば、第 2^n 回目から第 $2^{n+1} - 1$ 回目の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(n)}(i)$, $g_2^{(n)}(i)$)を構成するゲイン補正量の候補 $g_1^{(n)}(i)$, $g_2^{(n)}(i)$ の絶対値の方が、第 2^{n-1} 回目から第 $2^n - 1$ 回目の二区分部261の処理で得られる2つの区分された範囲についてのゲイン補正量候補ベクトル($g_1^{(n-1)}(i)$, $g_2^{(n-1)}(i)$)を構成するゲイン補正量の候補 $g_1^{(n-1)}(i)$, $g_2^{(n-1)}(i)$ の絶対値よりも小さいとする。

40

【0235】

この場合、復元部250は、ゲイン補正量コードブックに格納された複数のゲイン補正量候補ベクトルの中から、入力されたゲイン補正量符号idxを構成する各範囲に対応する符号で特定されるゲイン補正量候補ベクトルを選択する。この選択されたゲイン補正量候補ベクトルを構成するゲイン補正量を用いて、復号グローバルゲインの補正を行う。

【0236】

[復元部250の変形例4]

復元部250は、式(F5)、式(F6)、式(F7)、式(F8)にそれぞれ代えて式(F9)、式(F10)、式(F11)、式(F12)に基づいて、出力信号系列 X^h ()を求めてもよい。

50

【 0 2 3 7 】

$$X^{\wedge}(\) = (g^{\wedge} + s_{12} \quad 12 + s_{1 \quad 1}) X^{\wedge}_Q(\) \quad (F 9)$$

$$X^{\wedge}(\) = (g^{\wedge} + s_{12} \quad 12 + s_{2 \quad 2}) X^{\wedge}_Q(\) \quad (F 10)$$

$$X^{\wedge}(\) = (g^{\wedge} + s_{34} \quad 34 + s_{3 \quad 3}) X^{\wedge}_Q(\) \quad (F 11)$$

$$X^{\wedge}(\) = (g^{\wedge} + s_{34} \quad 34 + s_{4 \quad 4}) X^{\wedge}_Q(\) \quad (F 12)$$

$s_1, s_2, s_3, s_4, s_{12}, s_{34}$ は、例えば以下の式のように定義される。

【 0 2 3 8 】

【 数 1 2 】

$$s_1 = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L^{(1)}-1} |\hat{X}_Q(\omega)|^2} \quad 10$$

$$s_2 = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L^{(1)}}^{L^{(2)}-1} |\hat{X}_Q(\omega)|^2} \quad 20$$

$$s_3 = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L^{(2)}}^{L^{(3)}-1} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}$$

$$s_4 = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L^{(3)}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2} \quad 30$$

$$s_{12} = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L^{(2)}-1} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}$$

$$s_{34} = \frac{\sum_{\omega=L_{\min}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2}{\sum_{\omega=L^{(2)}}^{L_{\max}} |\hat{X}_Q(\omega)|^2} \quad 40$$

【 0 2 3 9 】

このように、復元部 2 5 0 は、各区分された範囲についての各ゲイン補正量と、復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{L_{\min}, \dots, L_{\max}\}$] の全てのサンプルの値の二乗和をその各ゲイン補正量に対応する範囲内の全てのサンプルの値の二乗和で除算した値とを乗算した値で復号グローバルゲイン g^{\wedge} を補正してもよい。

【 0 2 4 0 】

また、復元部 2 5 0 は、式 (F 5) , 式 (F 6) , 式 (F 7) , 式 (F 8) にそれぞれ 50

代えて式 (F 1 3) , 式 (F 1 4) , 式 (F 1 5) , 式 (F 1 6) に基づいて、出力信号系列 $X^{\wedge}(\)$ を求めてもよい。

【 0 2 4 1 】

$$X^{\wedge}(\) = (g^{\wedge} + s_1(\text{ }_{12} + \text{ }_1)) X^{\wedge}_Q(\) \quad (F 1 3)$$

$$X^{\wedge}(\) = (g^{\wedge} + s_2(\text{ }_{12} + \text{ }_2)) X^{\wedge}_Q(\) \quad (F 1 4)$$

$$X^{\wedge}(\) = (g^{\wedge} + s_3(\text{ }_{34} + \text{ }_3)) X^{\wedge}_Q(\) \quad (F 1 5)$$

$$X^{\wedge}(\) = (g^{\wedge} + s_4(\text{ }_{34} + \text{ }_4)) X^{\wedge}_Q(\) \quad (F 1 6)$$

このように、復元部 2 5 0 は、各区分された範囲についてのゲイン補正量を各範囲ごとに加算した値と、復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{ L_{\min}, \dots, L_{\max} \}$] の全てのサンプルの値の二乗和を各区分された範囲内の全てのサンプルの値の二乗和で除算した値とを乗算した値で復号グローバルゲイン g^{\wedge} を補正してもよい。

10

【 0 2 4 2 】

なお、 $s_{12}, s_{34}, s_1, s_2, s_3, s_4$ を、それぞれ以下の式のように定義してもよい。

【 0 2 4 3 】

【 数 1 3 】

$$s_{12} = \frac{c_{1234}}{c_{12}}$$

$$s_{34} = \frac{c_{1234}}{c_{34}}$$

20

$$s_1 = \frac{c_{1234}}{c_1}$$

$$s_2 = \frac{c_{1234}}{c_2}$$

$$s_3 = \frac{c_{1234}}{c_3}$$

30

$$s_4 = \frac{c_{1234}}{c_4}$$

【 0 2 4 4 】

c_{12} は、範囲 R 1 2 のサンプルのエネルギーが第一の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_{34} は、範囲 R 3 4 のサンプルのエネルギーが第二の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_{1234} は、範囲 R 1 2 3 4 のサンプルのエネルギーが第三の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_1 は、範囲 R 1 のサンプルのエネルギーが第四の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_2 は、範囲 R 2 のサンプルのエネルギーが第五の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_3 は、範囲 R 3 のサンプルのエネルギーが第六の所定値よりも大きいサンプルの個数である。 c_4 は、範囲 R 4 のサンプルのエネルギーが第七の所定値よりも大きいサンプルの個数である。

40

【 0 2 4 5 】

この場合、復号部 2 6 0 は、各区分された範囲についての各ゲイン補正量と、復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{ L_{\min}, \dots, L_{\max} \}$] のサンプルのエネルギーが第八の所定値よりも大きいサンプルの個数をその各ゲイン補正量に対応する範囲内のサンプルのエネルギーが第九の所定値よりも大きいサンプルの個数で除算した値とを乗算した値で復号グローバルゲイン g^{\wedge} を補正することになる。または、復号部 2 6 0 は、各区分された範囲についてのゲイン補正量を各範囲ごとに加算した値と、復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\)$ [$\{ L_{\min}, \dots, L_{\max} \}$] のサンプルのエネルギーが第十の所定値よりも大きいサン

50

プルの個数を各区分された範囲内のサンプルのエネルギーが第十一の所定値よりも大きいサンプルの個数で除算した値とを乗算した値で復号グローバルゲイン g^{\wedge} を補正することになる。

【0246】

これらの第一から第十一の所定値は、互いに異なる値であってもよいが、同じ値であることが好ましい。これらの第一から第十一の所定値は、式(B2)における g^{\wedge} に対応する。

【0247】

<二区分部261が行なう区分処理の詳細>

二区分部261が区分対象範囲に対して行なう区分処理は、符号化装置1の二区分部151が区分対象範囲に対して行なう区分処理と同一である。

【0248】

「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」での区分処理は、例えば、区分対象範囲の第1の範囲を、

(a) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和と、区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(b) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和と、区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(c) 区分対象範囲の第1の範囲のサンプル数が、区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和が区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の2分の1以上となる最小のサンプル数になるように、

または、

(d) 区分対象範囲の第1の範囲のサンプル数が、区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和が区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の2分の1以上となる最小のサンプル数になるように、

または、

(e) 区分対象範囲の第1の範囲のサンプル数が、区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の二乗和が区分対象範囲の全てのサンプルの値の二乗和の2分の1以下となる最大のサンプル数になるように、

または、

(f) 区分対象範囲の第1の範囲から第nの範囲までのサンプル数が、区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルの値の絶対値和が区分対象範囲の全てのサンプルの値の絶対値和の2分の1以下となる最大のサンプル数になるように、

求め、

区分対象範囲のうちの第1の範囲以外の範囲を、区分対象範囲の第2の範囲とすることで、区分対象範囲を2個の範囲に区分することにより行なわれる。

【0249】

上記に例示した区分処理は、「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」による区分を、第1の範囲から順に逐次的に決定していく方法によって実現するものである。上記に例示した区分処理によれば、少ない演算処理量で「各範囲のエネルギーがなるべく等しくなるように区分する基準」による区分を実現できる。

【0250】

「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数がなるべく等しくなるように区分する基準」での区分処理は、例えば、区分対象範囲の第1の範囲を、

(a) 区分対象範囲の第1の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいかまたは所定値以上であるサンプルの個数と、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいかまたは所定値以上であるサンプルの個数の2分の1と、が最も近づくように、

または、

(b) 区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数と、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の 2 分の 1 と、が最も近づくように、

または、

(c) 区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数が、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の 2 分の 1 以上となる最小のサンプル数となるように、

10

または、

(d) 区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数が、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の 2 分の 1 以上となる最小のサンプル数となるように、

または、

(e) 区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数が、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルのエネルギーが所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の 2 分の 1 以下となる最大のサンプル数となるように、

20

または、

(f) 区分対象範囲の第 1 の範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数が、区分対象範囲に含まれる全てのサンプルのうちサンプルの絶対値が所定値より大きいまたは所定値以上であるサンプルの個数の 2 分の 1 以下となる最大のサンプル数となるように、

求め、

区分対象範囲のうちの第 1 の範囲以外の範囲を、区分対象範囲の第 2 の範囲とすることで、区分対象範囲を 2 個の範囲に区分することにより行なわれる。

【 0 2 5 1 】

上記に例示した区分処理は、「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数なるべく等しくなるように区分する基準」による区分を、各範囲を逐次的に決定していく方法によって実現するものである。上記に例示した区分処理によれば、少ない演算処理量で「各範囲に含まれる有意のサンプルの個数なるべく等しくなるように区分する基準」による区分を実現できる。

30

【 0 2 5 2 】

二区分部 2 6 1 が行なう区分処理の具体例は、符号化装置 1 の二区分部 1 5 1 が行う区分処理の具体例である「第 1 の基準による区分処理の第 1 例」から「第 1 の基準による区分処理の第 6 例」、「第 2 の基準による区分処理の第 1 例」から「第 2 の基準による区分処理の第 6 例」のそれぞれの具体例中の、量子化正規化済み信号系列 $X^{\wedge}(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ を復号正規化済み信号系列 $X^{\wedge}_Q(\) [\{ l_{min}, \dots, l_{max} \}]$ に置き換えたものである。

40

【 0 2 5 3 】

< 時間領域変換部 2 7 0 >

必要に応じて備える時間領域変換部 2 7 0 には、出力信号系列 $X^{\wedge}(\)$ が入力される。時間領域変換部 2 7 0 は、出力信号系列 $X^{\wedge}(\)$ に対して周波数 - 時間変換を適用して、フレーム単位の時間領域信号系列 $z_F(t)$ を出力する。周波数 - 時間変換方法は、周波数領域変換部 1 0 1 で用いられた時間 - 周波数変換方法に対応する逆変換である。上述の例であれば、ここでの周波数 - 時間変換方法は、IMDCT(Inverse Modified Discrete Cosine Transform) または IDCT(Inverse Discrete Cosine Transform) である。

【 0 2 5 4 】

50

《第2実施形態》

第2実施形態は、ゲイン補正量符号idxに、正規化信号符号の余ったビットを用いる形態である。

【0255】

正規化信号符号化部120が[背景技術]欄で説明した正規化部102と量子化部103とゲイン制御部104により構成される場合などでは、消費ビット数が規定ビット数より少なくなる場合がある。

【0256】

第2実施形態の符号化装置1では、正規化信号符号化部120が、規定ビット数から消費ビット数を減算して得られるゲイン修正ビットのビット数Uを区分部150に対して出力するようにする。また、ゲイン補正量符号化部140は、入力されたゲイン修正ビットのビット数Uに基づいて、Uビットのゲイン補正量符号idxを出力するようにする。

10

【0257】

第2実施形態の復号装置2では、正規化信号復号部107が、正規化信号符号のビット数の最大値として規定されている規定ビット数から実際の正規化信号符号のビット数である消費ビット数を減算して得られるゲイン修正ビットのビット数Uを区分部260に対して出力するようにする。また、復元部250は入力されたUビットのゲイン補正量符号idxを復号できるようにする。

【0258】

第2実施形態の符号化装置1及び復号装置2によれば、正規化信号符号のために用意されたものの実際には正規化信号符号には用いられなかったビットをゲイン補正量符号idxに用いることで、与えられたビットを有効に活用した符号化及び復号を行うことが可能となる。

20

【0259】

以上の各実施形態の他、本発明である符号化装置、符号化方法、復号装置、復号方法は上述の実施形態に限定されるものではなく、本発明の趣旨を逸脱しない範囲で適宜変更が可能である。また、上記実施形態において説明した処理は、記載の順に従って時系列に実行されるのみならず、処理を実行する装置の処理能力あるいは必要に応じて並列的あるいは個別に実行されるときもよい。

【0260】

また、上記符号化装置/上記復号装置における処理機能をコンピュータによって実現する場合、符号化装置/復号装置が有すべき機能の処理内容はプログラムによって記述される。そして、このプログラムをコンピュータで実行することにより、上記符号化装置/上記復号装置における処理機能がコンピュータ上で実現される。

30

【0261】

この処理内容を記述したプログラムは、コンピュータで読み取り可能な記録媒体に記録しておくことができる。コンピュータで読み取り可能な記録媒体としては、例えば、磁気記録装置、光ディスク、光磁気記録媒体、半導体メモリ等のようなものでもよい。

【0262】

また、この形態では、コンピュータ上で所定のプログラムを実行させることにより、符号化装置、復号装置を構成することとしたが、これらの処理内容の少なくとも一部をハードウェア的に実現することとしてもよい。

40

【 図 1 】

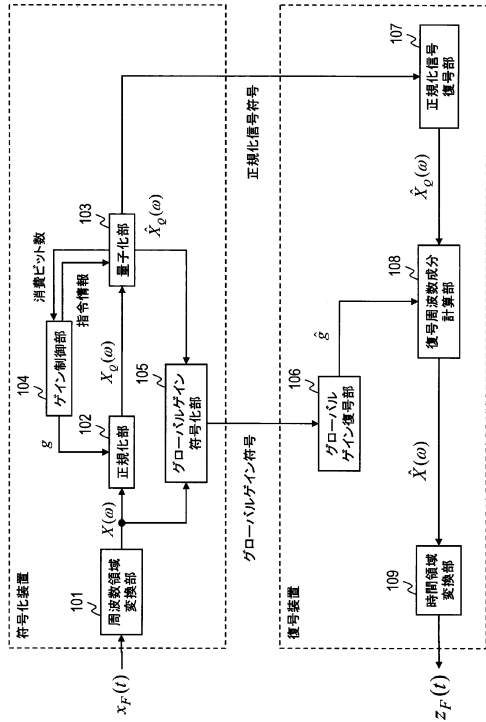


図 1

【 図 2 】

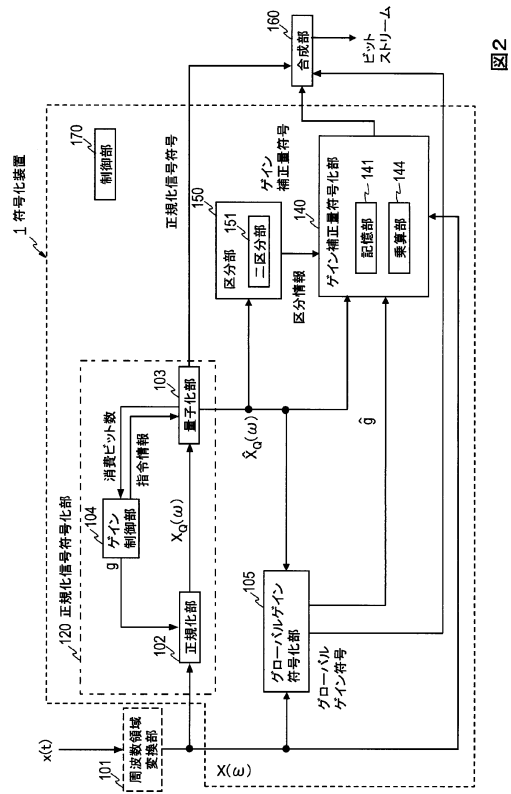


図 2

【 図 3 】

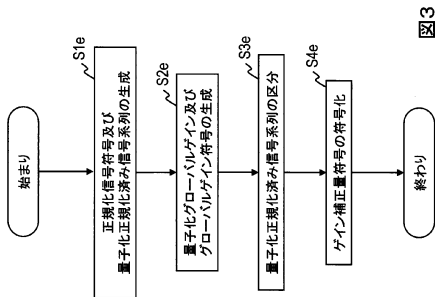


図 3

【 図 4 】

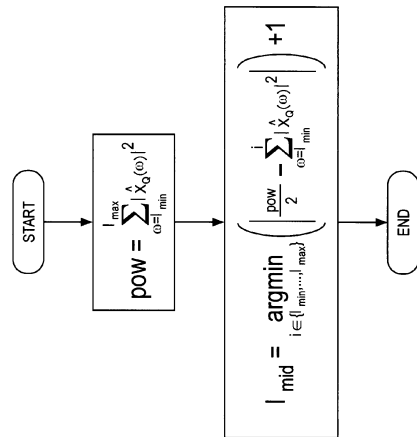


図 4

【 図 5 】

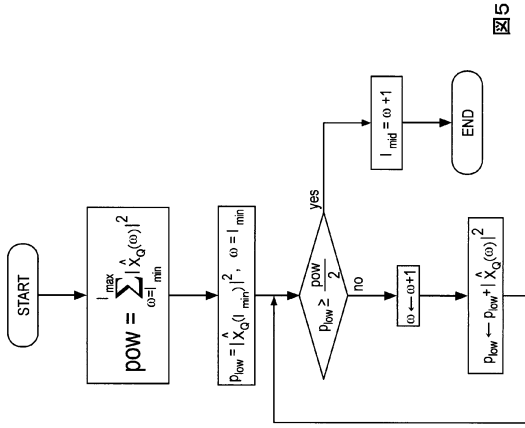


図5

【 図 6 】

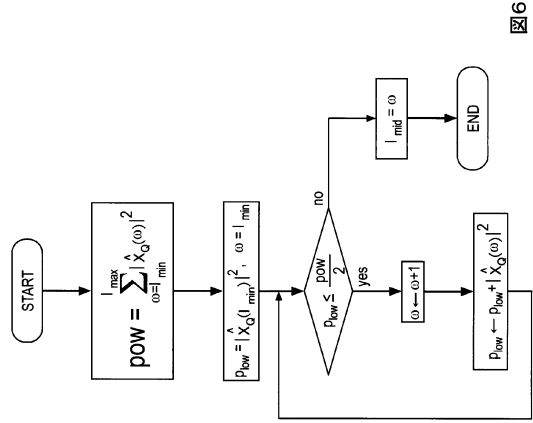


図6

【 図 7 】

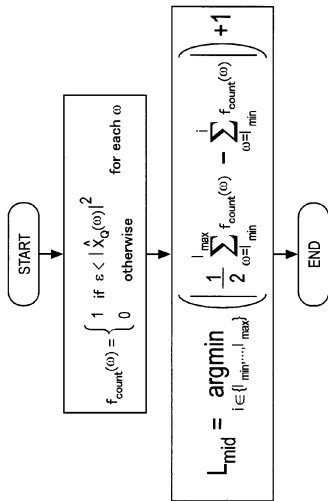


図7

【 図 8 】

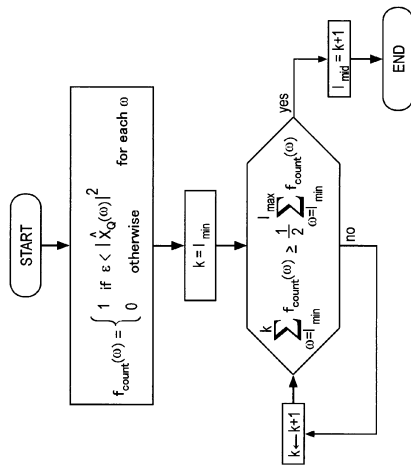


図8

【 図 9 】

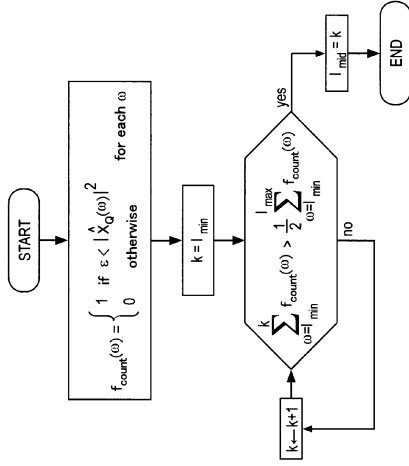


図9

【 図 10 】

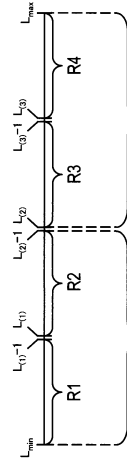


図10

【 図 11 】

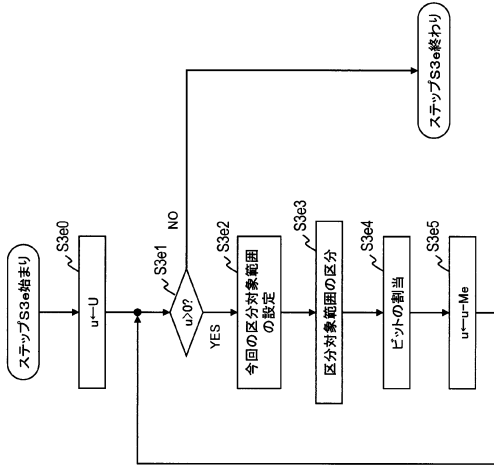


図11

【 図 12 】

符号	1回目 (n=0)	2回目から3回目 (n=1)	4回目から7回目 (n=2)	...	第2^max回目から第2^max+1-1回目 (n=2^max)
idk(1)	(Δ ¹⁰ (1), Δ ²⁰ (1))	(Δ ¹¹ (1), Δ ²¹ (1))	(Δ ¹² (1), Δ ²² (1))	...	(Δ ^{1max} (1), Δ ^{2max} (1))
idk(2)	(Δ ¹⁰ (2), Δ ²⁰ (2))	(Δ ¹¹ (2), Δ ²¹ (2))	(Δ ¹² (2), Δ ²² (2))	...	(Δ ^{1max} (2), Δ ^{2max} (2))
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
idk(2 ^F)	(Δ ¹⁰ (2 ^F), Δ ²⁰ (2 ^F))	(Δ ¹¹ (2 ^F), Δ ²¹ (2 ^F))	(Δ ¹² (2 ^F), Δ ²² (2 ^F))	...	(Δ ^{1max} (2 ^F), Δ ^{2max} (2 ^F))

図12

【 図 1 3 】

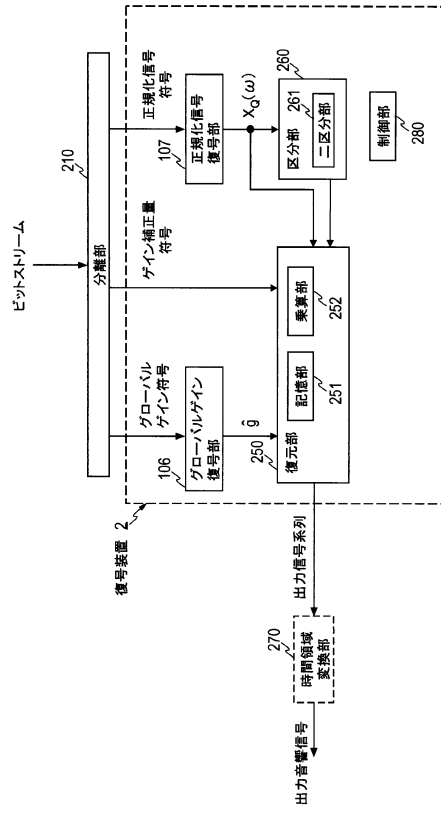


図13

【 図 1 4 】

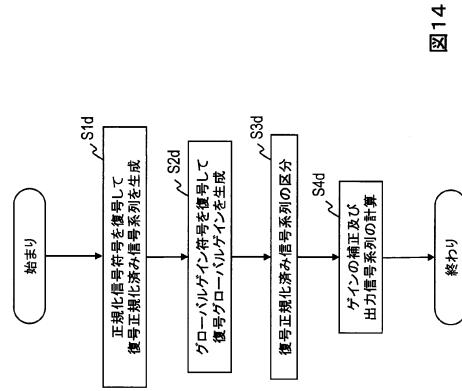


図14

【 図 1 5 】

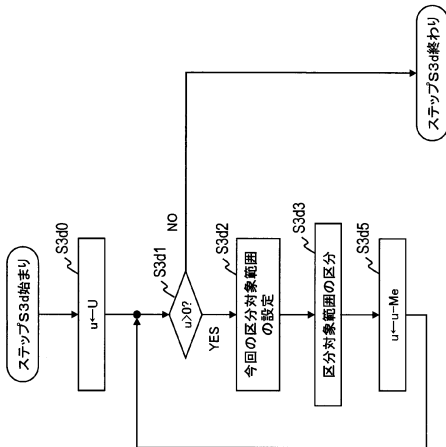


図15

フロントページの続き

- (72)発明者 原田 登
東京都千代田区大手町一丁目5番1号 日本電信電話株式会社内
- (72)発明者 守谷 健弘
東京都千代田区大手町一丁目5番1号 日本電信電話株式会社内
- (72)発明者 鎌本 優
東京都千代田区大手町一丁目5番1号 日本電信電話株式会社内

審査官 毛利 太郎

- (56)参考文献 国際公開第2009/001874(WO, A1)
特開2002-268693(JP, A)
特開2008-261978(JP, A)
特開2008-065162(JP, A)
特開2008-203739(JP, A)
特開2010-281965(JP, A)
特開2010-175633(JP, A)
国際公開第2012/005212(WO, A1)
国際公開第2007/029304(WO, A1)
国際公開第2005/004113(WO, A1)
特開2006-010817(JP, A)

(58)調査した分野(Int.Cl., DB名)

G10L 19/00 - 19/26
H03M 7/00 - 7/50