

# 结合区域收缩和贪婪策略的荧光分子断层成像

董芳<sup>1</sup> 侯榆青<sup>1</sup> 余景景<sup>2</sup> 郭红波<sup>1</sup> 贺小伟<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>西北大学信息科学与技术学院, 陕西 西安 710069

<sup>2</sup>陕西师范大学物理与信息技术学院, 陕西 西安 710062

**摘要** 为降低荧光分子断层成像(FMT)重建的病态性,受压缩感知理论启发,提出一种结合自适应可行区域迭代收缩策略和分段正交匹配追踪算法的重建方法。通过选取高荧光产额节点所在区域,迭代缩小可行区域,使目标函数有一个全局最优解。数字鼠模型上单目标及双目标重建结果表明,贪婪算法结合区域收缩策略不仅可以显著提高荧光目标的定位精度和荧光产额的定量分布,还可以降低算法对参数选取的依赖。物理仿体实验进一步验证了该方法在实际FMT应用中的可行性和稳定性。

**关键词** 生物光学; 荧光分子断层成像; 可行区域迭代收缩; 分段正交匹配追踪

中图分类号 TP391; Q632

文献标识码 A

doi: 10.3788/LOP53.011701

## Fluorescence Molecular Tomography via Greedy Method Combined with Region-Shrinking Strategy

Dong Fang<sup>1</sup> Hou Yuqing<sup>1</sup> Yu Jingjing<sup>2</sup> Guo Hongbo<sup>1</sup> He Xiaowei<sup>1</sup>

<sup>1</sup>School of Information Sciences and Technology, Northwest University, Xi'an, Shaanxi 710069, China

<sup>2</sup>School of Physics and Information Technology, Shaanxi Normal University, Xi'an, Shaanxi 710062, China

**Abstract** To reduce the ill-posedness of reconstruction for fluorescence molecular tomography (FMT), a reconstruction method combining adaptively iterative-shrinking permissible region strategy with subsection orthogonal matching pursuit algorithm is inspired by compressive sensing theory. The region of mesh nodes with higher fluorescent yield is chosen to iteratively shrink permissible region and make the objective function have a global optimal solution. In simulation experiments on digital mouse model, reconstruction results for single target and double targets demonstrate that greedy algorithm combining with shrink region strategy can not only significantly improve localization accuracy of fluorescent target and quantitative distribution of fluorescent yield, but also reduce dependence of algorithm on parameters choice. Physical simulation experiment further validates feasibility and stability of the proposed method in practical FMT applications.

**Key words** biotechnology; fluorescence molecular tomography; iterative-shrinking permissible region; stagewise orthogonal matching pursuit

**OCIS codes** 170.3010; 170.6960; 170.6280

## 1 引言

荧光分子断层成像(FMT)可在分子细胞水平上实现生物进程的无创可视化和药物治疗反应的监测,广泛应用于小动物研究和预临床诊断中,已成为光学分子成像技术的一个研究热点<sup>[1-3]</sup>。

FMT成像中处于基态的靶向荧光团在近红外光的照射下,产生能级跃迁发出荧光,通过高灵敏度电荷耦合器件(CCD)相机可以捕获生物体表的光子分布,利用反演算法可在体重建荧光团的位置和浓度分布。由于近红外光在生物组织中传输的高散射特性和CCD相机测量到表面荧光数据的不充分,FMT重建是个

收稿日期: 2015-05-28; 收到修改稿日期: 2015-08-15; 网络出版日期: 2016-12-18

基金项目: 国家自然科学基金(61372046, 61401264)

作者简介: 董芳(1990—),女,硕士研究生,主要从事医学图像处理方面的研究。E-mail: dongfang@stumail.nwu.edu.cn

导师简介: 侯榆青(1963—),女,硕士,教授,主要从事信号处理、医学图像处理和数字信号处理器应用技术等方面的研究。

E-mail: houyuqin@nwu.edu.cn

\*通信联系人。E-mail: hexw@nwu.edu.cn

高度病态逆问题,发展高效、准确的重建方法一直是FMT研究中的核心问题。Liu等<sup>[4]</sup>采用FMT和X射线计算机断层成像(XCT)相结合的混合模态系统获取功能、结构先验信息,实现了荧光目标的准确定位。An等<sup>[5]</sup>利用荧光目标的稀疏性、荧光目标与背景之间的荧光对比性,在 $l_1$ 范数正则化的基础上,提出了一种分段常数水平集的区域重建算法。除了可行区域的先验信息外,自适应有限元方法、自适应网格策略等也被应用于FMT重建。Song等<sup>[6]</sup>在初始重建结果的基础上,通过最长边中点对重建区域的有限元网格进行自适应细分,其重建效果在目标定位、荧光产额、几何形状等方面都有了提高。Yi等<sup>[7]</sup>结合hp自适应有限元方法提出了一种多级混合正则化算法,不仅降低了FMT逆问题求解的病态性,而且提高了重建效果。

FMT的重建结果在很大程度上依赖高效的重建算法,各种正则化方法,特别是基于 $l_2$ 范数的Tikhonov正则化方法<sup>[8]</sup>,由于计算简单,常被用来获得稳定的解。但是, $l_2$ 范数正则得到的解过于平滑,会造成荧光目标的局部细节信息丢失。考虑到在大多数FMT应用中,荧光目标相对整个生物体是稀疏的,因此可将FMT重建看成一种稀疏重建问题。根据压缩感知(CS)理论,稀疏荧光信号可以从较少的表面采样数据中恢复<sup>[9]</sup>。文献[10]指出,稀疏信号的重建问题可以通过 $l_1$ 范数正则化约束和贪婪算法解决。在FMT研究中,许多基于 $l_1$ 范数的正则化方法已经得到广泛的应用,如不完全变量截断共轭梯度法(IVTCG)<sup>[11]</sup>、 $l_1$ 范数迭代收缩法(IS\_L1)<sup>[12]</sup>、初始对偶内点法(PDIP)<sup>[13]</sup>和同伦算法<sup>[14]</sup>等。然而,迭代 $l_1$ 范数对于精细的有限元网格计算速度却很慢,相比而言,贪婪算法在计算速度方面有显著优势。文献[15]采用了一种分段正交匹配追踪(StOMP)算法,在荧光目标定位和荧光产额分布方面实现了FMT的有效重建。同时,文献[16]表明StOMP算法不能获得荧光目标的最优稀疏因子,在减少测量数据的情况下重建结果不稳定。

针对FMT的稀疏重建问题,本文提出一种结合可行区域迭代收缩策略的StOMP重建方法。可行区域迭代收缩策略从全域开始重建,不仅克服了单次可行区域设置不当的问题,而且简化了自适应有限元策略在网格剖分和系统矩阵构建方面的复杂性,提高了重建的速度和精度。该策略使StOMP算法的重建结果更加稳健,也降低了算法对预先设置稀疏度的过分依赖。

## 2 StOMP重建方法

### 2.1 光的传输模型和线性关系的建立

通常采用扩散方程(DE)描述光在生物组织中的传输。稳态的FMT常用如下的耦合扩散方程来表述<sup>[6-7]</sup>,即

$$\begin{cases} \nabla \cdot [D_x(r) \nabla \Phi_x(r)] - \mu_{ax}(r) \Phi_x(r) = -\Theta \delta(r - r_s) \\ \nabla \cdot [D_m(r) \nabla \Phi_m(r)] - \mu_{am}(r) \Phi_m(r) = -\Phi_x(r) \eta \mu_{af}(r) \end{cases} \quad (1)$$

式中下标 $x$ 和 $m$ 分别代表激发过程和发射过程, $r \in \Omega$ , $D(r) = 1/3[\mu_a + (1-g)\mu_s]$ 是组织的扩散系数, $\mu_a(r)$ 和 $\mu_s(r)$ 分别为吸收系数和散射系数, $g$ 为各向异性因子。 $\Phi(r)$ 是光子密度。 $r_s$ 是各向同性点激发光源的位置, $\Theta$ 是光源的强度。 $\eta \mu_{af}(r)$ 表示需要重建的荧光目标。

利用Robin边界条件(RBC)<sup>[17]</sup>和有限元方法,(1)式可以被转换为

$$\begin{cases} K_x \cdot \Phi_x = S_x \\ K_m \cdot \Phi_m = F_m \cdot X \end{cases} \quad (2)$$

式中 $K_x$ 和 $K_m$ 表示系统矩阵, $S_x$ 是激发光源的分布。在激发过程,光子密度 $\Phi_x$ 可被直接求解。在发射过程, $F_m$ 是对 $\Phi_x$ 离散化后得到的对称矩阵,向量 $X$ 是需要重建的荧光目标,表面光子密度 $\Phi_m$ 可表示为 $\Phi_m = K_m^{-1} \cdot F_m \cdot X$ 。通过去掉方程两边的非测量值可以建立线性关系为

$$A \cdot X = \Phi \quad (3)$$

### 2.2 结合区域收缩策略的StOMP重建方法

可行区域迭代收缩策略能够逐步减小未知变量的数目和重建问题的规模。在迭代开始前,可行区域 $R$ 为全域,减缩因子 $\beta = (N_1/N_f)^{1/(L_{max} - 1)}$ ,式中 $L_{max}$ 是总迭代次数, $N_1$ 是可行区域的初始节点数, $N_f$ 是最终节点数。

基于CS理论, $\Phi$ 是 $X$ 经过系统 $A$ 的稀疏采样,因此,可以将FMT的逆问题求解看作一个基追踪(BP)问题

$$\min \|X\|_{l_1}, \text{ subject to } AX = \Phi \quad (4)$$

在每次迭代过程中,利用StOMP<sup>[15]</sup>算法对(4)式进行求解。设 $A(R)$ 的列序号集合 $I^{(0)}$ 为空集,初始化误

差向量  $\mathbf{r}^{(0)}$ 。根据误差相关度  $\mathbf{C}^{(n)}$  寻找集合  $D^{(n)}$ , 不断更新支撑集  $I^{(n)}$ 。计算出  $\mathbf{X}(R)_{j^{(n)}}$  之后, 令不在  $I^{(n)}$  中的序号所在元素值为零, 得到  $\mathbf{X}(R)^{(n)}$ 。表 1 描述了 StOMP 算法。

利用 StOMP 算法获得  $\mathbf{X}(R)$  后, 计算目标函数

$$f^{(j)} = \min \sum_k \|A(R)\mathbf{X}(R) - \Phi\|_{l_1}, \quad (5)$$

式中  $j=1, 2, 3, \dots, L_{\max}$ , 如果  $f^{(j)}$  小于上一次迭代的结果, 则荧光目标的最优解为当前解:  $\mathbf{X}_{\text{best}} = \mathbf{X}^{(j)}$ 。当  $N_j > N_F$  时, 对当前节点荧光产额进行降序排序, 只保留高荧光产额节点数为  $N_j/\beta$ , 自适应地更新可行区域大小。当  $N_j \leq N_F$  时, 迭代结束并输出此最优解。可行区域通过迭代收缩逐步缩小到几个节点, 使目标函数有一个全局最小值和最优解。图 1 是结合区域收缩策略的 StOMP 重建方法流程图。

表 1 StOMP 算法描述

Table 1 Description of StOMP algorithm

Algorithm: StOMP
Input: System matrix $A(R)$ , photon density on the surface $\Phi$ , maximum iterations $N_{\max}$
Initialization: Let index set $I^{(0)} = \emptyset$ , the residual vector $\mathbf{r}^{(0)} = \Phi$
for $n = 1:N_{\max}$ , do
1) according to the residual correlation $\mathbf{C}^{(n)} = A(R)^T \mathbf{r}^{(n-1)}$ , form the set $D^{(n)} = \{d:  \mathbf{C}^{(n)}(d)  > t^{(n)}\}$ , $t^{(n)} = \alpha \cdot \ \mathbf{C}^{(n)}\ _{\infty}$ , $\alpha$ is a threshold parameter
2) update the supporting index set $I^{(n)} = I^{(n-1)} \cup D^{(n)}$
3) solve $A(R)_{j^{(n)}} \mathbf{X}(R)_{j^{(n)}} = \Phi$ to obtain the solutions $\mathbf{X}(R)^{(n)}$ , update the new $\mathbf{r}^{(n)}$
end for
Output: $\mathbf{X}(R)$

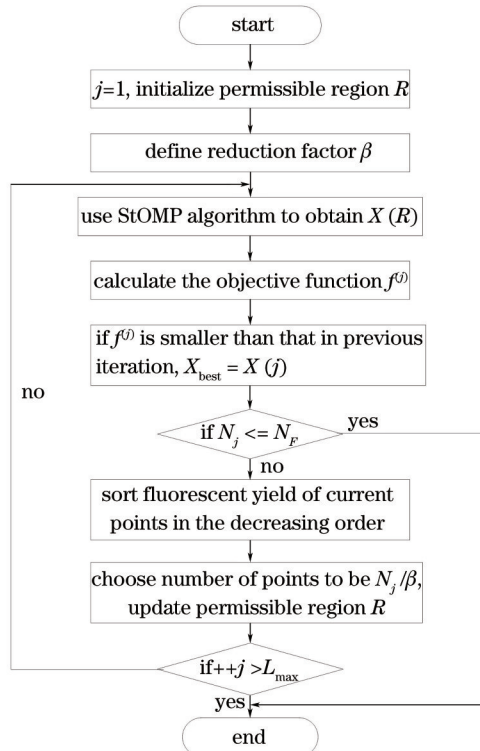


图 1 结合区域收缩策略的 StOMP 重建方法流程图

Fig.1 Flow chart of StOMP reconstruction method combining with region-shrinking strategy

### 3 实验与结果

为验证结合区域收缩策略的 StOMP 重建方法的可行性与准确性, 在各向异性介质的数字鼠仿体中设计了 4 组仿真实验: 在不同器官中的单荧光目标重建和不同间距的双荧光目标重建, 并且在立方仿体中进行了

一组物理实验。在定量分析可行区域迭代收缩策略对 StOMP 算法的影响上,引入定位误差(LE)和荧光产额误差(FYE)两个指标来做比较。其中,荧光产额加权中心点到真实荧光目标的欧几里得距离被定义为定位误差,  $\sigma_{LE} = [(x-x_0)^2 + (y-y_0)^2 + (z-z_0)^2]^{1/2}$ ,  $(x, y, z)$  是重建荧光目标坐标,  $(x_0, y_0, z_0)$  是真实荧光目标坐标;  $X$  的最大值作为重建荧光产额(FY),重建荧光产额与预设荧光产额误差的绝对值被定义为荧光产额误差。

### 3.1 仿真实验

#### 3.1.1 实验设置

对非匀质的三维(3D)数字鼠仿体,选取其中高 35 mm 的躯干部分,包括肌肉、心脏、肺、肝脏、胃和肾脏六个组织器官,其光学属性参数如表 2 所示,其中,  $\mu_a$  和  $\mu_s$  分别代表组织的吸收系数和约化散射系数<sup>[17-18]</sup>。考虑到光在不同生物组织中传输的散射、吸收特性不同,在肝脏和肾脏中分别嵌入半径为 0.85 mm、高为 1.50 mm 的圆柱体荧光目标。为验证该重建方法对双目标的分辨能力,在肝脏中嵌入相距分别为 4.5 mm 和 3 mm 的双圆柱体荧光目标。荧光产额设置为  $0.05 \text{ mm}^{-1}$ 。实验中有 18 个点激发光源均匀分布在仿体表面的  $z = 16.4 \text{ mm}$  平面上,且距表面一个光学自由程,在每个激发光源对面的  $120^\circ$  视野内检测相应的发射荧光表面数据。

表 2 不同器官的光学属性参数

Table 2 Optical property parameters of different regions

Organ	$\mu_{as} / \text{mm}^{-1}$	$\mu_{ss} / \text{mm}^{-1}$	$\mu_{am} / \text{mm}^{-1}$	$\mu_{sm} / \text{mm}^{-1}$
Muscle	0.0052	1.08	0.0068	1.03
Heart	0.0083	0.67	0.0104	0.66
Lungs	0.0133	1.97	0.0203	1.95
Liver	0.0329	0.70	0.0176	0.65
Stomach	0.0114	1.80	0.0070	1.70
Kidneys	0.0660	1.61	0.0380	1.47

#### 3.1.2 单荧光目标重建

在前向问题中,数字鼠被离散化为 23465 个节点和 127988 个四面体单元,其表面荧光分布如图 2(a)所示。圆柱体荧光目标被放置在肝脏中,中心点坐标为(11.90, 6.40, 16.40),空间分布如图 2(d)所示。实验中,解的初始值设为零向量,  $L_{\max} = 20$ ,  $N_F = 1$ ,  $N_{\max} = 10$ ,在重建过程中,手动调节比例系数  $\alpha$ ,经过多组实验一般取值在 0.4~0.9 之间可以得到满意的结果。

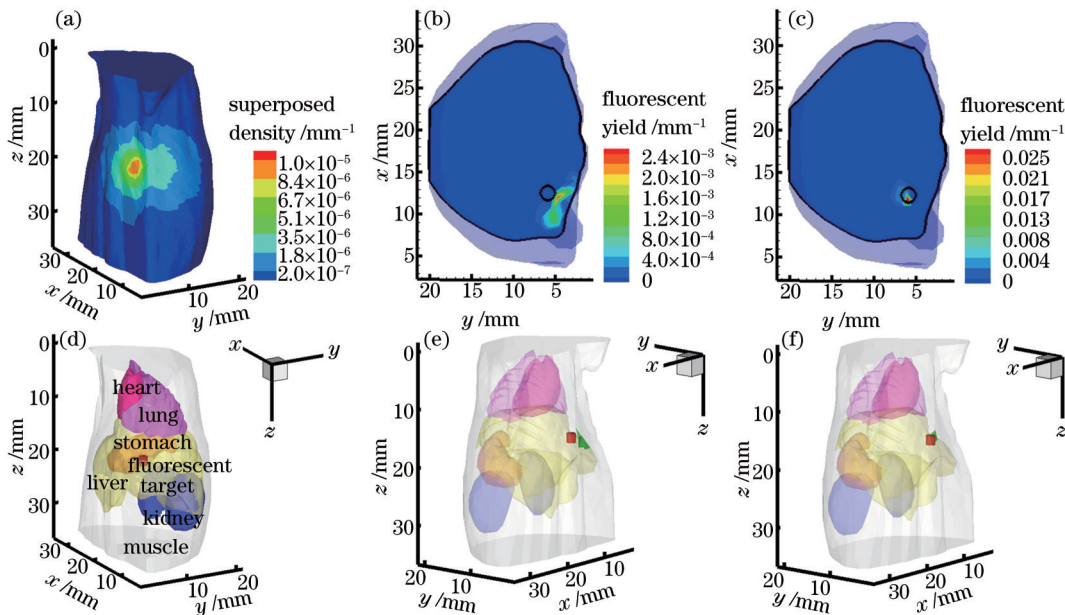


图 2 单荧光目标在肝脏中的重建。(a) 表面荧光分布;(b) 没有使用策略的重建;(c) 使用策略后的重建;  
(d) 单荧光目标在肝脏中的空间分布;(e) 没有使用策略的重建;(f) 使用策略后的重建

Fig.2 Reconstruction for a single fluorescent target in the liver. (a) Fluorescence distribution on the surface; (b) reconstruction without the strategy; (c) reconstruction with the strategy; (d) space distribution with single fluorescent target in the liver; (e) reconstruction without the strategy; (f) reconstruction with the strategy

在逆向问题中,仿体被离散化为3051个节点和16453个四面体单元。将使用可行区域迭代收缩策略前后的重建结果进行对比,如图2所示。图2(b)、(c)显示荧光目标在 $z=16.4$  mm平面上的横截面图,其中,黑色圆圈指真实荧光目标,绿色区域代表重建荧光目标分布。图2(e)、(f)是相应的3D立体展示图,其中,红色圆柱体代表真实荧光目标,绿色区域代表重建荧光目标。表3定量分析了单荧光目标在肝脏中的重建结果,可以看出,结合可行区域迭代收缩策略后重建目标的定位误差明显减小, $\sigma_{LE}=0.596$  mm,荧光产额也有了明显改善,荧光产额误差由 $0.0476$  mm<sup>-1</sup>下降到 $0.0143$  mm<sup>-1</sup>。

表3 单荧光目标在肝脏中重建结果的定量分析

Table 3 Quantitative analysis of reconstruction results for a single fluorescent target in the liver

Strategy	Recon position /mm	LE /mm	Recon FY /mm <sup>-1</sup>	FYE /mm <sup>-1</sup>
Before	(10.56, 5.24, 16.73)	1.802	0.0024	0.0476
After	(11.41, 6.61, 16.13)	0.596	0.0357	0.0143

为进一步研究上述方法在不同生物组织中的重建效果,将相同大小、形状的荧光目标放置在肾脏中,中心坐标为(11.90, 14.80, 26.40),前向网格包括21554个节点、120273个四面体单元。逆向网格包括4191个节点、21629个四面体单元。单目标在肾脏中的重建结果通过表4的定量分析可以明显看出,结合可行区域迭代收缩策略的重建方法使荧光目标的定位误差由 $2.273$  mm下降到 $0.887$  mm,荧光产额也更加接近预设的真实荧光产额值。

表4 单荧光目标在肾脏中重建结果的定量分析

Table 4 Quantitative analysis of reconstruction results for a single fluorescent target in the kidney

Strategy	Recon position /mm	LE /mm	Recon FY /mm <sup>-1</sup>	FYE /mm <sup>-1</sup>
Before	(10.71, 16.65, 25.85)	2.273	0.0086	0.0414
After	(11.78, 15.55, 25.94)	0.887	0.0574	0.0074

### 3.1.3 双荧光目标重建

在单目标重建的基础上,进一步评估结合区域收缩策略的StOMP重建方法对多目标的辨识能力。相距 $4.5$  mm的双荧光目标被嵌入到肝脏中,中心点坐标分别为(11.80, 6.30, 16.30)和(11.80, 10.80, 16.30)。在前向问题中仿体被离散化为23395个节点和127748个四面体单元。双目标的重建结果由表5的定量比较可知:不结合可行区域迭代收缩策略时,StOMP算法的定位误差达到 $3$  mm,这表明贪婪策略对多目标的分辨能力明显不足;结合可行区域迭代收缩策略的StOMP重建方法可以有效重建双荧光目标,定位误差分别减小到 $0.573$  mm和 $0.790$  mm,同时,荧光产额也显著提高。

表5 间距为 $4.5$  mm的双荧光目标在肝脏中重建结果的定量分析Table 5 Quantitative analysis of reconstruction results for double fluorescent targets with a separated distance of  $4.5$  mm in the liver

Strategy	Recon position /mm	LE /mm	Recon FY /mm <sup>-1</sup>	FYE /mm <sup>-1</sup>
Before	target 1	(12.05, 5.14, 16.11)	1.206	0.0041
	target 2	(9.04, 9.11, 16.22)	3.231	0.0034
After	target 1	(11.30, 6.57, 16.25)	0.573	0.0131
	target 2	(11.25, 10.65, 15.75)	0.790	0.0111

双荧光目标的间距被设置为 $3$  mm,中心点坐标分别为(11.80, 10.80, 16.40)和(11.80, 13.80, 16.40)。重建结果的定量分析如表6所示。结果表明:没有结合可行区域迭代收缩策略时,StOMP算法的重建荧光目

表6 间距为 $3$  mm的双荧光目标在肝脏中重建结果的定量分析Table 6 Quantitative analysis of reconstruction results for double fluorescent targets with a separated distance of  $3$  mm in the liver

Strategy	Recon position /mm	LE /mm	Recon FY /mm <sup>-1</sup>	FYE /mm <sup>-1</sup>
Before	target 1	(9.20, 9.80, 17.19)	2.900	0.0108
	target 2	(9.94, 14.84, 15.98)	2.174	0.0221
After	target 1	(10.97, 11.07, 17.13)	1.141	0.0636
	target 2	(11.81, 14.57, 15.58)	1.125	0.0526

标比较分散,荧光产额也相对较低;结合可行区域迭代收缩策略后,StOMP算法能够获得理想的定位和定量重建结果,定位误差明显减小,荧光产额误差可以下降到 $0.0136\text{ mm}^{-1}$ 和 $0.0026\text{ mm}^{-1}$ 。对于上述相距 $4.5\text{ mm}$ 和相距 $3\text{ mm}$ 的两组实验,结合可行区域迭代收缩策略的重建结果都表现出很好的稳健性。

### 3.2 物理实验

为更加准确地评估结合可行区域迭代收缩策略的StOMP重建方法在实际FMT应用中的性能,在非接触式连续波成像系统中通过一组物理实验来测试该方法的潜在能力。立方仿体边长为 $20\text{ mm}$ ,由聚甲醛组成,其中放置一个半径为 $1.00\text{ mm}$ 、高为 $2.00\text{ mm}$ 的圆柱体荧光目标,中心坐标在 $(16.00, 8.00, 9.50)^{[17]}$ 。在 $z=9.5\text{ mm}$ 平面上均匀设置四个点激发光源,通过CCD相机捕获表面荧光分布。在重建中,该仿体被离散化为2989个节点和14780个四面体单元。可行区域迭代收缩策略使用前后的重建结果总结如表7所示。结果表明:在没有结合可行区域迭代收缩策略时,重建荧光目标距离实际荧光目标偏差较大,使用该策略后定位误差 $\sigma_{LE}=0.967\text{ mm}$ ,重建效果明显改善。物理仿体实验进一步表明了该方法的实用性。

表7 荧光目标在立方仿体中重建结果的定量分析

Table 7 Quantitative analysis of reconstruction results for a fluorescent target in cubic phantom

Strategy	Recon position /mm	LE /mm	Recon FY /mm <sup>-1</sup>
Before	(14.67, 5.99, 11.51)	3.135	0.5492
After	(15.89, 7.07, 9.28)	0.967	0.5429

## 4 结 论

针对FMT的稀疏重建问题,提出一种结合自适应可行区域迭代收缩策略的StOMP重建方法。该方法在迭代过程中对荧光产额进行降序排序,利用减缩因子去除低荧光产额的节点,使荧光目标的可行区域从整个成像物体逐步缩小,快速、准确地实现稀疏荧光目标的最优求解。可行区域迭代收缩策略不仅降低了FMT求解的病态性,而且保证了重建结果的稳定性,在迭代过程中结合StOMP算法有效降低了计算代价。在非匀质的3D数字鼠仿真实验中,考虑到光在不同生物组织中传输的散射、吸收特性不同,分别将单荧光目标设置在肝脏和肾脏中;为验证该重建方法对双目标的辨识能力,在肝脏中分别嵌入间距为 $4.5\text{ mm}$ 和 $3\text{ mm}$ 的双荧光目标。实验结果说明结合可行区域迭代收缩策略的重建方法得到的定位更加准确,荧光产额误差更小,验证了该方法的可行性和稳健性。物理仿体实验中荧光目标的精确重建,进一步表明该重建方法在实际FMT应用中的潜在能力。虽然自适应可行区域迭代收缩策略的重建方法在目标定位、荧光产额方面有了显著提高,但是目前所得的结果并未反映真实荧光目标的形状、体积等其他参数,因此,荧光目标的形状重建将作为后续的研究重点。

### 参 考 文 献

- Bai J, Xu Z. Fluorescence Molecular Tomography[M]. Berlin: Springer, 2013: 185-216.
- Deliolanis N C, Ntziachristos V. Fluorescence molecular tomography of brain tumors in mice[J]. Cold Spring Harbor Protocols, 2013(5): 074245.
- Zanca C, del Mar Inda M, Bonavia R, *et al.* In vivo visualization of heterogeneous cancer cell populations by fluorescence molecular tomography[J]. Cancer Research, 2014, 74(19): 4933.
- Liu X, Yan Z Z, Lu H B. Performance evaluation of a priori information on reconstruction of fluorescence molecular tomography[J]. Access, IEEE, 2015, 3: 64-72.
- An Y, Liu J, Zhang G L, *et al.* A novel region reconstruction method for fluorescence molecular tomography[J]. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 2015, 62(7): 1818-1926.
- Song X L, Wang D F, Chen N G, *et al.* Reconstruction for free-space fluorescence tomography using a novel hybrid adaptive finite element algorithm[J]. Opt Express, 2007, 15(26): 18300-18317.
- Yi H J, Chen D F, Qu X C, *et al.* Multilevel, hybrid regularization method for reconstruction of fluorescent molecular tomography[J]. Appl Opt, 2012, 51(7): 975-986.
- Han D, Tian J, Liu K, *et al.* Sparsity-promoting tomographic fluorescence imaging with simplified spherical harmonics approximation[J]. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 2010, 57(10): 2564-2567.
- Nuñez M Z, Arias F X. Comparative analysis of sparse signal reconstruction. Algorithms for compressed sensing[C]. Latin

- American and Caribbean Conference for Engineering and Technology, 2014.
- 10 Needell D, Tropp J, Vershynin R. Greedy signal recovery review[C]. Asilomar Conference on Signals, Systems and Computers, 2008: 1048–1050.
- 11 He X W, Liang J M, Wang X R, *et al.*. Sparse reconstruction for quantitative bioluminescence tomography based on the incomplete variables truncated conjugate gradient method[J]. Opt Express, 2010, 18(24): 24825–24841.
- 12 Han D, Tian J, Zhu S P, *et al.*. A fast reconstruction algorithm for fluorescence molecular tomography with sparsity regularization[J]. Opt Express, 2010, 18(8): 8630–8646.
- 13 Zhang Q T, Zhao H, Chen D F, *et al.*. Source sparsity based primal–dual interior–point method for three–dimensional bioluminescence tomography[J]. Opt Commun, 2011, 284(24): 5871–5876.
- 14 Xue Z W, Ma X B, Zhang Q, *et al.*. Adaptive regularized method based on homotopy for sparse fluorescence tomography[J]. Appl Opt, 2013, 52(11): 2374–2384.
- 15 Han D, Yang X, Liu K, *et al.*. Efficient reconstruction method for L1 regularization in fluorescence molecular tomography [J]. Appl Opt, 2010, 49(36): 6930–6937.
- 16 Xue Z, Han D, Tian J. Fast and robust reconstruction approach for sparse fluorescence tomography based on adaptive matching pursuit[C]. SPIE, 2011, 8311: 831107.
- 17 Guo H, Hou Y, He X, *et al.*. Adaptive hp finite element method for fluorescence molecular tomography with simplified spherical harmonics approximation[J]. Journal of Innovative Optical Health Sciences, 2014, 7(2): 1350057.
- 18 Jin Chen, Guo Hongbo, Hou Yuqing, *et al.*. Bioluminescence tomography reconstruction based on simplified spherical harmonics approximation model and sparse reconstruction by separable approximation[J]. Acta Optica Sinica, 2014, 34(6): 0617001.
- 金 晨, 郭红波, 侯榆青, 等. 基于变量分离近似稀疏重构和简化球谐近似的生物发光断层成像[J]. 光学学报, 2014, 34(6): 0617001.

栏目编辑: 苏 岑