

基于实数遗传算法的混浊介质光学参数提取

李 飞¹ 张元志¹ 王贻坤^{1,2} 朱 灵^{1,2} 刘 勇^{1,2} 王 安¹

(¹ 中国科学院安徽光学精密机械研究所, 安徽 合肥 230031)
(² 皖江新兴产业技术发展中心, 安徽 铜陵 244000)

摘要 混浊介质的光学参数提取在光动力学疗法及光学无创诊断中有着重要意义。提出了一种实数遗传算法, 结合逆蒙特卡罗方法及图形处理单元加速技术, 从蒙特卡罗模拟得到的介质表面漫反射光的空间分布中提取光学参数。设计了差值平方和适应值函数、随机竞争选择算子、带扩展半径的均匀随机交叉算子、均匀变异算子、冠军变异算子, 保证了算法的收敛性和种群的多样性。在 $0 \leq \mu_a \leq 100 \text{ cm}^{-1}$ 和 $0 \leq \mu_s \leq 1000 \text{ cm}^{-1}$ 范围内 μ_a 和 μ_s 提取的平均相对误差分别为 0.25% 和 0.58%, 均方根误差 (RMSE) 分别为 0.32 cm^{-1} 和 1.68 cm^{-1} , 表明实数遗传算法提取混浊介质光学参数是可行和准确的。

关键词 医用光学; 实数遗传算法; 漫反射; 光学参数; 蒙特卡罗模拟

中图分类号 R318.51 **文献标识码** A **doi:** 10.3788/AOS201333.1217001

Determination of Optical Parameters of Turbid Media Based on Real Coded Genetic Algorithm

Li Fei¹ Zhang Yuanzhi¹ Wang Yikun^{1,2} Zhu Ling^{1,2} Liu Yong^{1,2} Wang An¹

(¹ Anhui Institute of Optics and Fine Mechanics, Chinese Academy of Sciences, Hefei, Anhui 230031, China)
(² Wanjiang Center for Development of Emerging Industrial Technology, Tongling, Anhui 244000, China)

Abstract Determination of optical parameters of turbid media is quite useful in the photodynamic therapy and optical noninvasive diagnostics. A kind of real coded genetic algorithm incorporated with inverse Monte Carlo method and graphics processing unit based acceleration technology is proposed, which can determine optical parameters from the spatially resolved diffuse reflectance of turbid media by Monte Carlo simulation. Fitness function of accumulated square differences, random tournament selection operator, uniform random crossover operator with extended radius, uniform mutation operator, champion mutation operator are designed to guaranty the algorithm to converge with good population diversity. In the range $0 \leq \mu_a \leq 100 \text{ cm}^{-1}$ and $0 \leq \mu_s \leq 1000 \text{ cm}^{-1}$, the average relative errors are 0.25% and 0.58%, and the root mean-square errors (RMSEs) are 0.32 cm^{-1} and 1.68 cm^{-1} for the absorption coefficient and for the scattering coefficient, respectively, which means that this algorithm is feasible and accurate enough for determination of optical parameters of turbid media.

Key words medical optics; real coded genetic algorithm; diffuse reflectance; optical parameter; Monte Carlo simulation

OCIS codes 170.3660; 170.3890; 170.5280; 170.6935; 170.7050

1 引 言

多数生物组织中同时存在吸收和散射作用, 可建模为混浊介质并用吸收系数 μ_a 、散射系数 μ_s 、各

向异性指数 g 进行描述^[1]。吸收系数决定了光子
在介质中的生存周期, 散射系数决定了光子在介质
中的传播距离^[2], 共同表征了光和介质的相互作用

收稿日期: 2013-06-24; **收到修改稿日期:** 2013-07-26

基金项目: 中国科学院知识创新工程青年人才领域专项前沿项目(083RC11124)

作者简介: 李 飞(1982—), 男, 博士研究生, 主要从事生物医学光子学和随机算法方面的研究。

E-mail: sume.cn@gmail.com

导师简介: 王 安(1958—), 男, 博士, 研究员, 主要从事光谱学与光谱分析和生物医学光子学方面的研究。

E-mail: wangan@aiofm.ac.cn(通信联系人)

情况,具体表现为光在介质内和介质表面的分布。如果能够通过对介质表面光分布的非侵入式测量准确提取光学参数,即可推知光在介质中的分布情况,这对光动力学疗法及光学无创诊断有着重要意义。介质表面的光分布即为空间分辨漫反射光(SRR),可通过光纤探头^[3-5]、CCD相机^[6]等技术获取。

描述光子在混浊介质中传输过程的吸收特性和散射特性的最常用数学方法是传输理论中的辐射传输方程(RTE),通常情况下该方程很难得到解析解,人们提出了多种近似方法和随机统计方法来获得近似解,如一阶散射、Kubelka-Munk理论、漫射近似法、反向倍加法、蒙特卡罗模拟等^[7]。一阶散射仅在散射作用远小于吸收作用且介质厚度很薄的情况下才能成立;Kubelka-Munk理论的精度较差;漫射近似法的前提条件是散射远大于吸收且介质厚度较厚;反向倍加法需要测量样品的反射和透射,通常配合积分球使用,无法应用于非侵入式测量。蒙特卡罗模拟适用于任意几何形状及边界条件,精度较高,还能用于荧光、时间分辨、生物自发光、偏振等多种场合,目前已成为一种标准,广泛应用于组织光学、生物医学光子学、光动力学中各种正问题、逆问题及对其他精度较低的近似方法的非实验验证^[8-9]。

将实验测得的SRR曲线和RTE的某种近似解得到的SRR曲线进行比较,不断修改光学参数使得两条曲线的差别尽可能小,当曲线基本重合时即可认为提取出了目标光学参数。常用的提取方法有神经网络^[4,6,10-12]、最小二乘拟合^[13]、多项式回归^[3]、查表法^[14]、遗传算法^[15]等。神经网络方法以径向多根收集光纤采集到的数据作为输入,因此针对不同光纤探头结构建立的模型无法通用,而且只利用了SRR曲线上少数几点的数据,误差较大。最小二乘拟合是一种局部收敛算法,受初始点影响较大,通常需要多次运行取最优值。多元多项式回归适合对不明确的非线性关系进行回归,可通过增加次数进行逼近,误差能做到很小;但次数增大时计算非常复杂,还有可能导致秩亏问题,而且各系数没有明确的物理含义,模型较难推广。查表法使用给定光学参数的多组仿体建立测量值和光学参数之间的关系并进行插值,建模时基本无需计算,使用时只需查表;但是仿体的构造过程、仿体材料的粒径分布、检测系统的噪声、插值运算等都会影响模型的精度,因此查找表法总是存在一定的系统误差。

本文提出了一种从模拟得出的混浊介质空间分

辨漫反射光分布中提取光学参数的实数遗传算法,采用图像处理单元加速的蒙特卡罗模拟极大地减少了运行时间,以光学参数预测值进行蒙特卡罗模拟得出的SRR曲线与目标值进行蒙特卡罗模拟得出的SRR曲线之间的差值平方和作为适应值函数,设计了随机竞争选择算子、带扩展半径的均匀随机交叉算子、均匀变异算子、冠军变异算子,以较小的种群规模和迭代次数实现了参数的准确提取,注意保持迭代过程中种群的多样性。在生物组织常见光学参数范围内进行了一系列提取实验。

2 基于遗传算法的光学参数提取

在光学参数提取研究中,可针对已知光学参数的生物组织样本或混浊介质模拟液来验证各种提取方法,然而实际中常常很难确定这两种情况下光学参数的精确值。蒙特卡罗模拟得到的光分布情况被认为和实验数据非常吻合,因而常用于代替真实实验来评价和改进各种提取方法^[4,6,11]。以光学参数的目标值进行蒙特卡罗模拟可得出介质表面的目标SRR曲线(S_t),以光学参数的预测值进行蒙特卡罗模拟可得出介质表面的预测SRR曲线(S_p),迭代修正预测值使得两曲线的差值平方和最小即可提取出目标光学参数。

2.1 正模型

输入光学参数进行蒙特卡罗模拟得到光在混浊介质中或介质表面分布情况的过程称为正模型,如图1所示。蒙特卡罗模拟的基本过程由Prahl等^[16]给出:1)光子或光子包的初始化;2)随机生成传播距离并产生运行轨迹;3)根据传播距离移动光子;4)判定光子是否到达层状结构的边界并判定是否发生全内反射;5)发生光子的吸收事件;6)判定光子的消

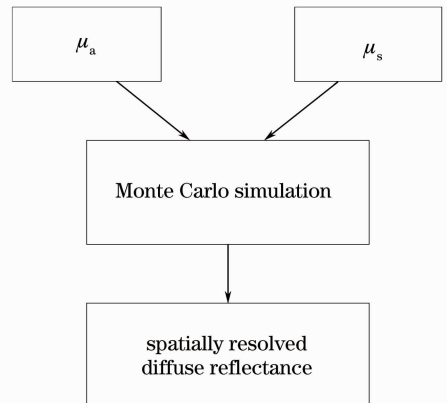


图1 漫反射光正模型

Fig. 1 Forward model of diffuse reflectance

亡。设定计算模型为：1) 介质为均匀半无限大单层混浊介质；2) 无限细光束准直入射介质表面；3) 介质上层为空气；4) 不考虑光的波动性和偏振性，不考虑介质的荧光、自发光等特性。

2.2 逆模型

根据光在混浊介质中或介质表面的分布情况，迭代修正预测光学参数最终得到目标值的过程称为逆模型，显然逆模型中需要反复调用正模型。逆模型的本质是函数的最优化问题，预测光学参数和 S_p

与 S_t 之间的差值平方和并无线性关系，使用传统的优化手段难以解决。遗传算法以达尔文的进化理论和孟德尔的遗传理论为基础，以种群个体之间的优胜劣汰、适者生存来实现问题的最优解搜索。迭代过程中仅使用适应值作为唯一判定指标，无需任何先验知识，无需了解目标问题的细节，是一种具有较强稳健性、并行性和全局收敛性的概率搜索算法，非常适合此处的逆模型。如图 2 所示，在迭代修正预测光学参数的过程中即使用了遗传算法。

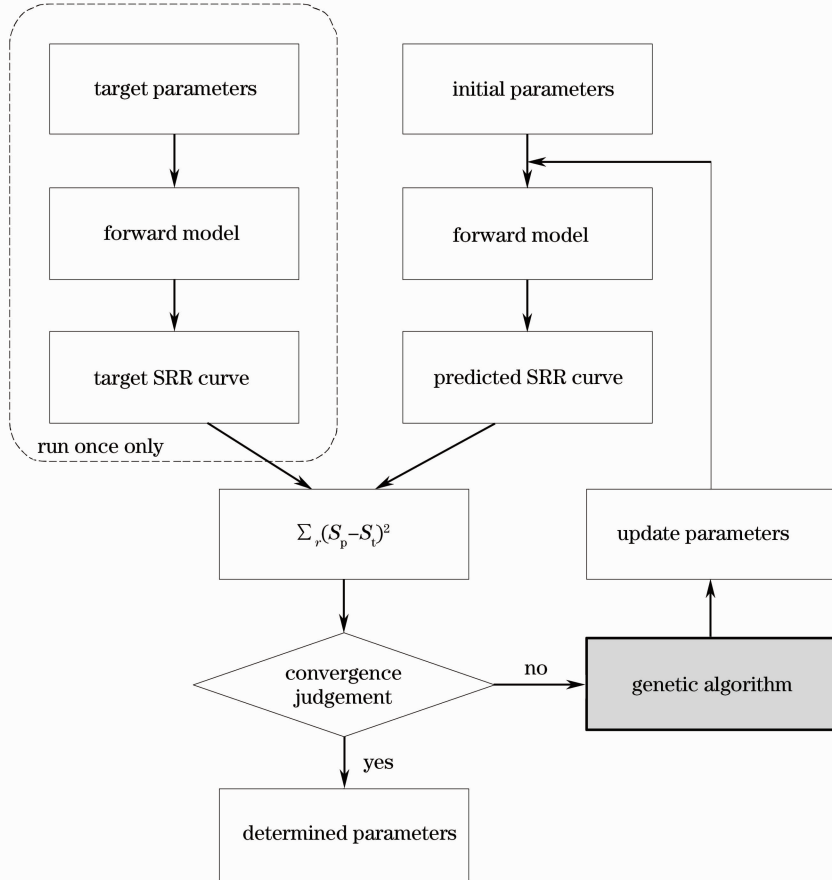


图 2 漫反射光逆模型

Fig. 2 Inverse model of diffuse reflectance

使用遗传算法迭代修正预测光学参数时都要重新计算 S_p ，根据算法设置的不同可能需要上千次蒙特卡罗计算，若采用通用的蒙特卡罗模拟程序^[17]，整个迭代过程将极其漫长。基于图形处理单元(GPU)的蒙特卡罗加速技术是近年来提出的加速性能较好、性价比较高的一种加速手段^[18-20]，加速比可达千量级。使用 Alerstam 等^[18]开发的 CUDA MCML 和基于开普勒架构的 nVidia GTX650 显卡，极大地减少了迭代时间。每次蒙特卡罗模拟都使用 10^7 光子数，根据输入光学参数的不同设置运行时间在 0.1~20 s 之间。

3 遗传算法设计

遗传算法的设计涉及 6 个要素：参数编码方式、初始种群设计、适应值函数设计、遗传操作设计、控制参数和约束条件设置。

3.1 编码方式和种群设计

采用了实数遗传算法(RCGA)，以实数参数向量作为染色体，以实数参数作为染色体中的基因，以实数数值作为等位基因。RCGA 避免了二进制编码方式中的海明悬崖问题，求解时能够达到实数表达范围所允许的任意精度，而且可以设计非常灵活

的交叉、变异算子^[21]。如图 3 所示,不同的预测参数组 μ_a 和 μ_s 构成的染色体表达了遗传算法中的一个个体,所有个体组成了种群,种群中个体的数量称为种群规模 N_p ,各光学参数的取值范围即为对应基因的搜索域。 N_p 取为 50,初始种群中所有个体的基因在各自搜索域中均匀随机生成。

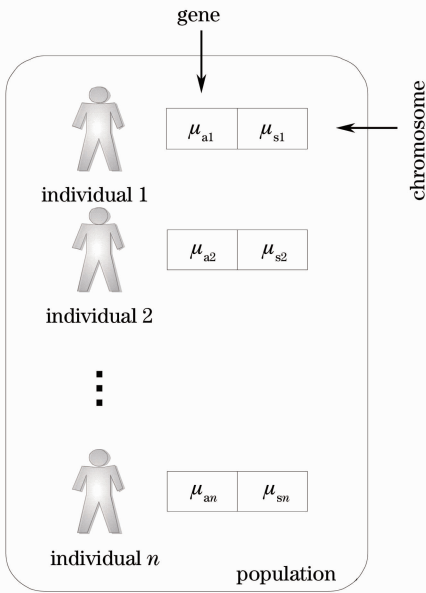


图 3 遗传算法中种群、个体、染色体、基因示意图

Fig. 3 Schematic diagram of population, individual, chromosome and gene in genetic algorithm

3.2 适应值函数设计

遗传算法中对光学参数预测值的评价由适应值函数唯一决定,因此该函数的设计至关重要。以种群中每个个体所代表的一组光学参数预测值进行蒙特卡罗模拟得出 S_p 曲线,以该曲线和目标曲线 S_t

的差值平方和作为适应值函数,该函数的值越小越好:

$$F(\mu_a^p, \mu_s^p) = \sum_r [S_p(\mu_a^p, \mu_s^p) - S_t(\mu_a^t, \mu_s^t)]^2. \quad (1)$$

3.3 遗传操作设计

遗传操作包括三种基本算子:选择、交叉和变异。

3.3.1 选择算子

选择算子负责从上一代种群中根据个体的适应值挑选出较优者放入交配池,交配池中的个体随后进行交叉操作生成新的个体。设计随机竞争选择算子,在当前代种群中随机挑选一对个体进行适应值比较,较差的个体被淘汰并标记,由后续的交叉操作填充。被淘汰个体的数量由淘汰概率 P_e 描述,取为 0.5。该算子使得种群中的最优个体一定能保留到下一代,隐含了精英保留策略,保证了算法最优解的收敛性。而且基于竞争的选择算子无需对适应值函数进行尺度变换,同时较优个体甚至一些较差个体也都有机会保留到下一代,无需设计复杂的共享函数也可保证多样性。

3.3.2 交叉算子

交叉算子以参与交叉的父体各基因为操作对象生成子代的对应基因,是遗传算法中产生新个体的主要手段。综合 Herrera 等^[21]给出的常见 RCGA 交叉算子的特点及本研究的需求,提出带扩展半径的均匀随机交叉算子:从淘汰剩余的个体中随机挑选两个个体(设为 x 和 y)进行交叉,综合两个个体对应等位基因之间的距离和搜索域范围设置一个扩展半径,将两个个体等位基因之间范围的两侧都增加扩展半径,新个体的基因在其中随机产生。

$$R_{\mu_a}^1 = |\mu_a^x - \mu_a^y|, \quad R_{\mu_s}^1 = |\mu_s^x - \mu_s^y|, \quad (2)$$

$$R_{\mu_a}^2 = (\mu_a^{\text{upper}} - \mu_a^{\text{lower}}) \times 5\%, \quad R_{\mu_s}^2 = (\mu_s^{\text{upper}} - \mu_s^{\text{lower}}) \times 5\%, \quad (3)$$

$$R_{\mu_a} = \max(R_{\mu_a}^1, R_{\mu_a}^2), \quad R_{\mu_s} = \max(R_{\mu_s}^1, R_{\mu_s}^2), \quad (4)$$

$$\mu_a^{\text{new}} = \text{rand}[\min(\mu_a^x, \mu_a^y) - R_{\mu_a}, \max(\mu_a^x, \mu_a^y) + R_{\mu_a}], \quad \mu_s^{\text{new}} = \text{rand}[\min(\mu_s^x, \mu_s^y) - R_{\mu_s}, \max(\mu_s^x, \mu_s^y) + R_{\mu_s}]. \quad (5)$$

该交叉算子用于填补被选择算子淘汰的个体,交叉操作的次数由 P_e 决定。 $R_{\mu_a}^1$ 和 $R_{\mu_s}^1$ 为第一类扩展半径,使得两等位基因范围之外区域的搜索概率是范围之内搜索概率的 2 倍,有效避免了算术交叉算子中常见的收缩效应。 $R_{\mu_a}^2$ 和 $R_{\mu_s}^2$ 为第二类扩展半径,设为搜索域范围的 5%,避免了两等位基因非常接近时交叉算子失效,此时交叉算子异化为均匀变异算子,还

能带来额外的局部搜索能力。两类扩展半径中数值较大者作为最终的扩展半径。当然,增加了扩展半径可能使交叉后的基因位于搜索域之外,此时增加边界判定操作即可。(5)式中的 $\text{rand}(a, b)$ 表示从 $[a, b]$ 中均匀取一个随机值。

3.3.3 变异算子

变异算子是交叉算子的重要补充,在概率上保

证了遗传算法不会遗漏搜索域的每一个位置。采用了最常用的均匀变异算子,操作时遍历所有个体的所有基因,以变异概率 P_m 进行判定,若判定成功则在对应搜索域的整个取值范围内均匀随机取值代替原基因。这里 P_m 取值为 0.01。

$$\mu_a^{\text{new}} = \text{rand}(\mu_a^{\text{lower}}, \mu_a^{\text{upper}}), \mu_s^{\text{new}} = \text{rand}(\mu_s^{\text{lower}}, \mu_s^{\text{upper}}). \quad (6)$$

由于前述选择算子和交叉算子的共同作用,可能造成每次迭代中当前最佳个体不参与交叉,因此提出冠军变异算子作为均匀变异算子的补充。每次迭代中使用最佳个体的变异个体取代当前代中的最差个体,并且变异限制在最佳个体的各基因数值附近,相当于让最佳个体在解空间内做一个轻微变动。冠军变异算子有利于最优解的局部搜索,另一方面也促进了优秀基因在种群中的传播。设置冠军变异每次迭代只进行一次,也即冠军变异概率 P'_m 为 1/50。

$$\begin{aligned} \mu_a^{\text{worst}} &= \text{rand}(\mu_a^{\text{best}} - R_{\mu_a}^2, \mu_a^{\text{best}} + R_{\mu_a}^2), \\ \mu_s^{\text{worst}} &= \text{rand}(\mu_s^{\text{best}} - R_{\mu_s}^2, \mu_s^{\text{best}} + R_{\mu_s}^2). \end{aligned} \quad (7)$$

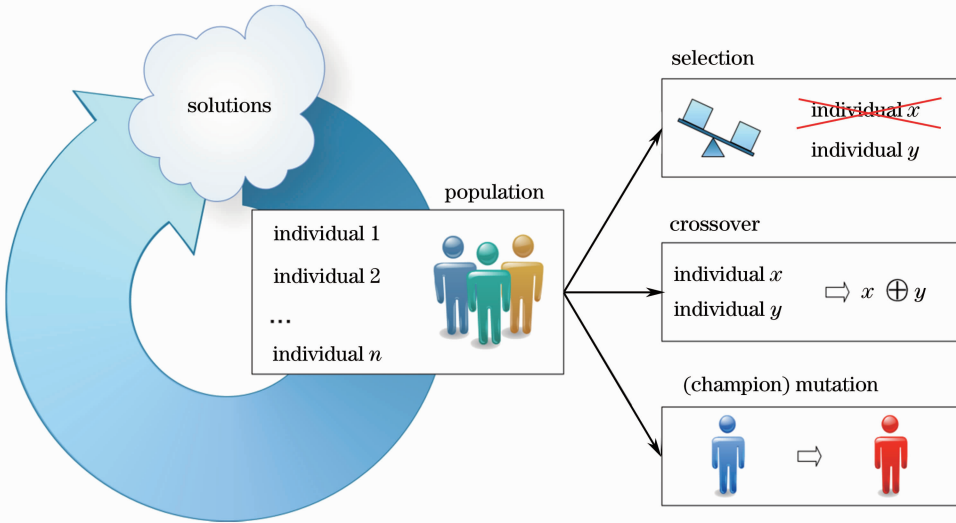


图 4 遗传算法迭代求解过程

Fig. 4 Iteration process of genetic algorithm

4 光学参数提取

4.1 光学参数提取实例

假设某一混浊介质的光学参数为: $\mu_a = 5 \text{ cm}^{-1}$, $\mu_s = 12 \text{ cm}^{-1}$, $g = 0.94$, $n = 1.37$, 输入正模型得到空间分辨漫反射光分布。然后使用设计的算法对光学参数进行提取,设光学参数的取值范围为: $2.5 \text{ cm}^{-1} \leq \mu_a \leq 7.5 \text{ cm}^{-1}$, $6 \text{ cm}^{-1} \leq \mu_s \leq 18 \text{ cm}^{-1}$ 。记录迭代过程中每一代的最佳适应值、平均适应值、适应值标准偏差等信息,并记录迭代结束时种群中所

3.4 控制参数和约束条件设置

遗传算法的控制参数主要包括:迭代次数 N_i 、种群规模 N_p 、淘汰概率 P_e 、变异概率 P_m 、冠军变异概率 P'_m 。将迭代次数 N_i 设为 50,其余参数均已在前面给出。光学参数 μ_a 和 μ_s 的取值范围 $[\mu_a^{\text{lower}}, \mu_a^{\text{upper}}]$ 和 $[\mu_s^{\text{lower}}, \mu_s^{\text{upper}}]$ 即为遗传算法中两个基因的约束条件。

3.5 多样性评价

遗传算法的性能可用迭代速度和种群多样性来衡量,通常研究中只关注迭代速度。然而种群的多样性保证了遗传算法的全局收敛性也即光学参数提取结果的准确性,多样性远比收敛速度更重要,前述各种遗传操作的选择中特别保持种群的多样性,不使用选择压力过大的算子。多样性度量尚未有公认的定义,在此以每代种群中所有个体适应值的变异系数及迭代末各基因的分布情况进行表征。综上所述,遗传算法迭代求解的过程如图 4 所示。

有个体的适应值和各基因数值。

图 5 为迭代过程中种群的最佳适应值、最差适应值、平均适应值、适应值标准偏差、适应值变异系数的变动情况。由图 5(a)中最佳适应值变动情况可见,随着迭代进行,最佳适应值单调下降趋近于 0,表明算法具有较好的收敛性。到第 50 次迭代时适应值为 0.000332,表示算法提取的光学参数代表的 S_p 曲线和光学参数目标值代表的 S_t 曲线已基本重合。由图 5(b)中平均适应值和适应值标准偏差变动情况可见随着迭代的进行种群中所有个体逐渐

趋近最优解;由最差适应值变动情况可见由于变异算子的作用使得每代中均有少量个体在远离当前均值的地方进行尝试,符合各算子的设计。图 5(c)为迭代过程中每代的变异系数变动情况,可见算法始

终保持了较好的多样性。图 6 为迭代过程中最佳个体的 μ_a 和 μ_s 变动情况,可见 μ_a 振荡收敛于目标值 5 cm^{-1} 附近, μ_s 振荡收敛于目标值 12 cm^{-1} 附近。

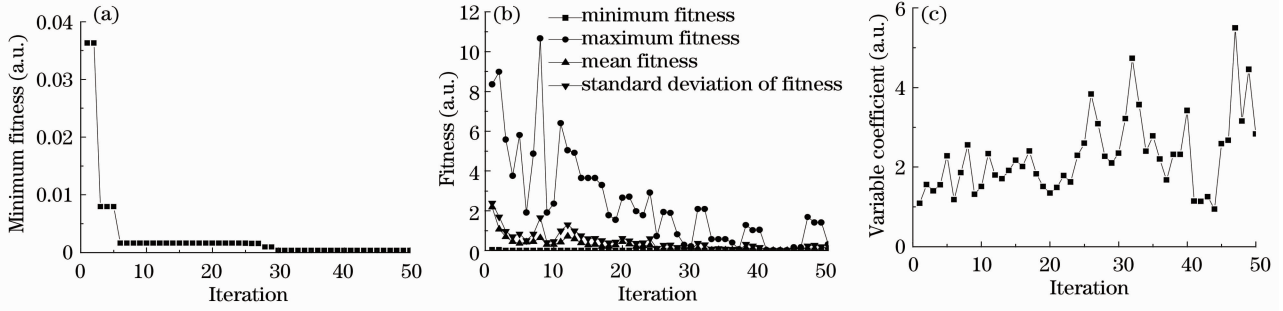


图 5 迭代过程中种群适应值各指标变化情况。(a)最佳适应值;(b)最佳适应值、最差适应值、平均适应值和适应值标准偏差;(c)适应值变异系数

Fig. 5 Changes in the indicators in iterations. (a) Minimum fitness; (b) minimum fitness, maximum fitness, mean fitness and standard deviation of fitness; (c) variable coefficient of fitness

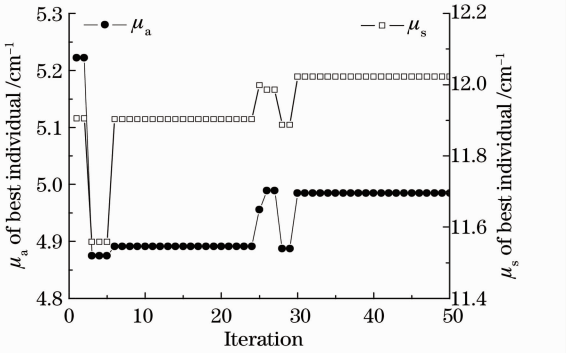


图 6 最佳个体的 μ_a 和 μ_s 在迭代过程中的变化

Fig. 6 μ_a and μ_s of the best individual in iteration process

图 7(a)为迭代结束时种群中所有个体的适应值,多数个体都已逼近最优解,少数离群个体是变异算子作用的结果。图 7(b)为迭代结束时所有个体的 μ_a 和 μ_s 分布情况,没有出现参数聚集现象,表明算法在逼近最优解的同时仍然保持了较好的种群多

样性,符合设计目标。

4.2 大范围内的光学参数提取

生物组织光学参数取值范围较广,多数分布在 $0 \leq \mu_a \leq 100 \text{ cm}^{-1}$ 和 $0 \leq \mu_s \leq 1000 \text{ cm}^{-1}$ 范围内^[22],在该范围内均匀取点观察光学参数提取效果。表 1 为大范围光学参数提取示例,每个单元中的第一行两个数值即为对应目标值的 μ_a 和 μ_s 的提取值,第二行表示提取值各自的相对误差。图 8 为大范围时 μ_a 和 μ_s 提取的相对误差绝对值,图中圆形的半径和方块的边长表示误差绝对值大小。在 $\mu_s > 50 \text{ cm}^{-1}$ 时 μ_a 提取的相对误差小于 1%, μ_s 提取的相对误差小于 4%;在 $\mu_s < 50 \text{ cm}^{-1}$ 时两个光学参数提取的相对误差较高,最大误差分别为 3.38% 和 12.05%。 μ_a 和 μ_s 提取的平均相对误差分别为 0.25% 和 0.58%,均方根误差(RMSE)分别为 0.32 cm^{-1} 和 1.68 cm^{-1} 。可见,光学参数的提取效果好于目前最优秀的基于神经网络的光学参数提取算法^[12]。

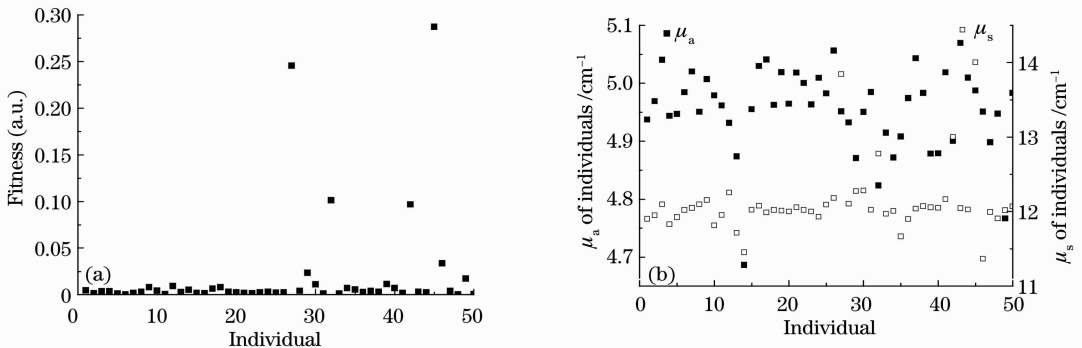


图 7 迭代结束时的信息。(a)各个体的适应值;(b)各个体的 μ_a 和 μ_s

Fig. 7 Information of final iteration. (a) Fitness of each individual; (b) μ_a and μ_s of each individual

表 1 大范围内光学参数提取示例

Table 1 Examples of determination of optical parameters in large scale

μ_s/cm^{-1}	μ_a/cm^{-1}				
	5	15	25	35	45
50	5.10, 50.56	15.09, 50.48	24.87, 49.23	35.19, 50.20	44.80, 49.90
	2.04%, 1.11%	0.58%, 0.95%	-0.53%, -1.54%	0.54%, 0.40%	-0.45%, -0.21%
150	4.95, 149.06	14.96, 149.23	25.09, 150.80	34.89, 149.84	45.08, 149.60
	-0.92%, -0.63%	-0.26%, -0.51%	0.36%, 0.53%	-0.33%, -0.11%	0.18%, -0.27%
250	4.99, 249.54	15.02, 250.39	25.02, 250.35	35.04, 249.88	44.87, 248.92
	-0.29%, -0.19%	0.12%, 0.16%	0.07%, 0.14%	0.10%, -0.05%	-0.29%, -0.43%
350	5.01, 350.77	15.01, 350.68	25.02, 350.38	34.98, 349.38	45.03, 350.07
	0.14%, 0.22%	0.05%, 0.19%	0.10%, 0.11%	-0.06%, -0.18%	0.06%, 0.02%
450	5.01, 450.69	14.97, 449.11	25.03, 451.27	35.03, 451.00	45.02, 449.35
	0.20%, 0.15%	-0.23%, -0.20%	0.10%, 0.28%	0.10%, 0.22%	0.05%, -0.14%
550	5.00, 548.70	14.99, 549.44	24.99, 549.62	35.03, 551.70	45.03, 550.53
	0.03%, -0.24%	-0.07%, -0.10%	-0.03%, -0.07%	0.09%, 0.31%	0.07%, 0.10%
650	5.01, 650.55	15.01, 650.00	25.00, 648.79	35.06, 650.86	44.95, 648.83
	0.25%, 0.08%	0.06%, 0.00%	-0.01%, -0.19%	0.17%, 0.13%	-0.10%, -0.18%
750	5.00, 750.73	15.00, 749.69	25.00, 748.93	34.97, 750.27	44.98, 751.23
	-0.03%, 0.10%	0.01%, -0.04%	0.00%, -0.14%	-0.08%, 0.04%	-0.05%, 0.16%
850	5.00, 850.80	15.00, 850.44	25.00, 849.65	35.03, 850.30	45.00, 848.10
	0.04%, 0.09%	-0.01%, 0.05%	0.00%, -0.04%	0.08%, 0.04%	-0.01%, -0.22%
950	4.99, 950.55	15.02, 951.44	24.95, 952.91	34.98, 953.65	44.99, 951.41
	-0.10%, 0.06%	0.17%, 0.15%	-0.20%, 0.31%	-0.07%, 0.38%	-0.03%, 0.15%

μ_s/cm^{-1}	μ_a/cm^{-1}				
	55	65	75	85	95
50	53.14, 46.09	64.33, 49.54	75.54, 51.15	86.52, 56.03	94.43, 49.31
	-3.38%, -7.82%	-1.03%, -0.91%	0.71%, 2.30%	1.78%, 12.05%	-0.60%, -1.39%
150	54.69, 147.44	65.05, 150.35	74.12, 145.03	86.12, 154.60	95.86, 154.76
	-0.56%, -1.70%	0.08%, 0.23%	-1.17%, -3.31%	1.31%, 3.07%	0.91%, 3.17%
250	55.04, 250.15	65.00, 249.34	74.88, 249.64	84.84, 248.04	94.83, 246.94
	0.07%, 0.06%	0.00%, -0.26%	-0.16%, -0.14%	-0.19%, -0.78%	-0.18%, -1.22%
350	54.92, 347.93	65.08, 350.55	75.18, 351.85	85.04, 350.54	95.03, 349.15
	-0.15%, -0.59%	0.12%, 0.16%	0.24%, 0.53%	0.04%, 0.15%	0.03%, -0.24%
450	55.01, 448.52	64.99, 449.07	75.06, 451.11	85.05, 451.11	94.89, 450.25
	0.02%, -0.33%	-0.02%, -0.21%	0.08%, 0.25%	0.06%, 0.25%	-0.12%, 0.06%
550	54.96, 549.98	65.03, 548.04	74.96, 548.65	85.00, 550.79	95.14, 550.88
	-0.07%, -0.003%	0.05%, -0.36%	-0.05%, -0.24%	0.00%, 0.14%	0.15%, 0.16%
650	55.02, 652.54	65.04, 650.37	74.97, 650.99	85.00, 651.87	95.15, 651.12
	0.03%, 0.39%	0.06%, 0.06%	-0.04%, 0.15%	0.00%, 0.29%	0.16%, 0.17%
750	54.93, 749.87	65.03, 750.53	74.87, 751.09	85.08, 751.93	94.96, 750.41
	-0.12%, -0.02%	0.05%, 0.07%	-0.17%, 0.14%	0.10%, 0.26%	-0.04%, 0.05%
850	55.03, 851.71	65.03, 848.95	75.02, 850.52	84.95, 851.77	94.96, 851.39
	0.05%, 0.20%	0.05%, -0.12%	0.02%, 0.06%	-0.06%, 0.21%	-0.04%, 0.16%
950	54.99, 949.98	65.07, 946.81	74.90, 949.01	84.98, 949.15	95.10, 955.03
	-0.02%, -0.002%	0.11%, -0.34%	-0.13%, -0.10%	-0.03%, -0.09%	0.10%, 0.53%

Each cell in this table: determined μ_a , determined μ_s , relative error of determined μ_a , relative error of determined μ_s

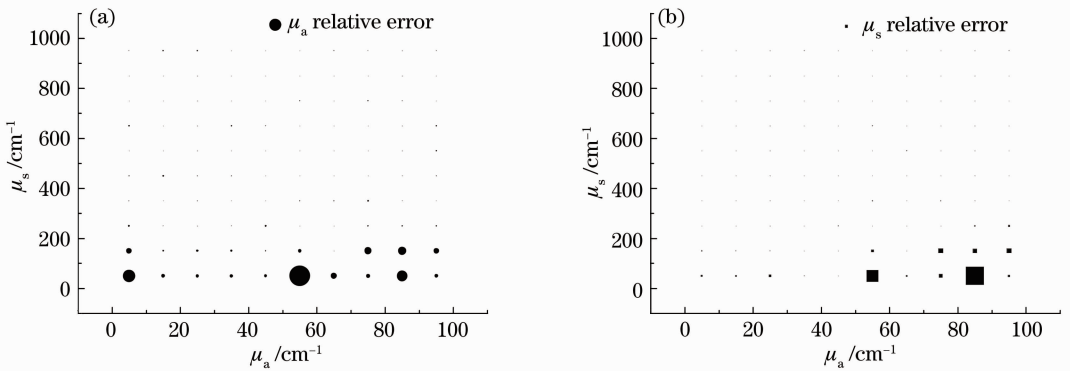


图 8 大范围时(a) μ_a 和(b) μ_s 提取的相对误差绝对值

Fig. 8 Absolute values of relative error of determined (a) μ_a and (b) μ_s in large scale

5 讨 论

由实验结果可见,实数遗传算法应用于混浊介质光学参数提取可以达到较高的精度,原因有以下几点:

该方法基于蒙特卡罗模拟和逆蒙特卡罗方法,忠实于物理过程,精度较高,优于神经网络方法的黑箱式模型、多项式回归的近似逼近、查找表法的插值运算等。此外,(1)式逼近于 0 时表明正确提取出了目标光学参数,这是典型的最小值优化问题。在各种优化算法中遗传算法求解过程无需使用待求解问题的详细解析式,只需给出用于评价结果好坏的适应值函数即可,特别适合该研究中光学参数和对应的 SRR 曲线间不存在直接函数关系的情况。

对 SSR 径向所有点进行全采样,而其他方法如神经网络法由于输入节点规模限制只能对 SSR 少数点采样。全采样方式获取的数据量远大于点采样,并可使用多种方法滤波降噪;点采样由于数据较少且间距较远,无法对噪声进行有效处理。可见全采样方式提取光学参数的精度应当高于点采样方式。在实际应用中全采样至少有 3 种实现形式:1)小芯径、高密度光纤束构成的光纤探头;2)光源-探测器距离连续可调的测量装置;3)CCD 相机。

一般认为,蒙特卡罗模拟中使用的光子数越多则模拟越精确,也即光子数决定了正模型生成 SRR 曲线的精度,进而决定了逆模型提取光学参数的精度。由于采用 10^7 光子数有效降低了随机模型的统计误差,并使用 GPU 加速技术极大地减少了运行时间,这才使得遗传算法用于光学参数提取成为可能。可以注意到,目前加速仅存在于蒙特卡罗模拟层面,考虑到遗传算法的隐含并行性,将来可在遗传算法迭代过程中进一步应用消息传递接口(MPI)技

术,有望获得和计算节点数目成正比的加速性能,这是本方法下一步的改进方向。

6 结 论

提出了一种从混浊介质的空间分辨漫反射光分布中提取光学参数的实数遗传算法。针对性地设计了适应值函数和各种遗传操作,能够确保迭代的收敛性和种群的多样性。采用图形处理单元加速的蒙特卡罗模拟,极大地减少了遗传算法的运行时间。在生物组织常见光学参数范围内进行的实验表明,该算法能够以较高的精度提取出光学参数,效果好于传统的神经网络方法。

附注:读者可向作者(sume.cn@gmail.com)索取本算法源代码。

参 考 文 献

- 1 Xu Kexin, Gao Feng, Zhao Huijuan. Biomedical Photonics [M]. Beijing: Science Press, 2007. 11-22.
徐可欣,高峰,赵会娟.生物医学光子学[M].北京:科学出版社,2007.11-22.
- 2 C Zhu, Quan Liu. Review of Monte Carlo modeling of light transport in tissues [J]. J Biomed Opt, 2013, 18(5): 050902.
- 3 M Larsson, H Nilsson, T Strömberg. *In vivo* determination of local skin optical properties and photon path length by use of spatially resolved diffuse reflectance with applications in laser Doppler flowmetry [J]. Appl Opt, 2003, 42(1): 124-134.
- 4 Q Z Wang, K Shastri, T J Pfefer. Experimental and theoretical evaluation of a fiber-optic approach for optical property measurement in layered epithelial tissue [J]. Appl Opt, 2010, 49(28): 5309-5320.
- 5 Q Z Wang, A Agrawal, N S Wang, et al.. Condensed Monte Carlo modeling of reflectance from biological tissue with a single illumination-detection fiber [J]. IEEE J Sel Top Quantum Electron, 2010, 16(3): 627-634.
- 6 L S Zhang, Z Z Wang, M Y Zhou. Determination of the optical coefficients of biological tissue by neural network [J]. J Modern Opt, 2010, 57(13): 1163-1170.
- 7 M H Niemz. Laser-Tissue Interactions Fundamentals and Applications [M]. Zhang Zhenxi Transl.. Beijing: Science

- Press, 2005. 24–32.
- M H 尼姆兹. 激光与生物组织的相互作用原理及应用[M]. 张镇西译. 北京: 科学出版社, 2005. 24–32.
- 8 Li Chenxi, Zhao Huijuan, Zheng Jiayang, *et al.*. Design and property of depth-selective fiber-optical probes applied in diffuse reflection measurement [J]. *Acta Optica Sinica*, 2012, 32(7): 0717001.
- 李晨曦, 赵会娟, 郑家祥, 等. 深度分辨漫反射测量光纤探头设计及特性[J]. *光学学报*, 2012, 32(7): 0717001.
- 9 Jiang Yifan, Chen Changshui, Liu Rongting, *et al.*. Monte Carlo simulation of light propagation along the pericardium meridian line at the wrist [J]. *Acta Optica Sinica*, 2012, 32(10): 1017001.
- 江怡帆, 陈长水, 刘荣廷, 等. 腕部手腕阴心包经区域光传输特性的蒙特卡罗模拟[J]. *光学学报*, 2012, 32(10): 1017001.
- 10 T J Pfefer, L S Matchette, C L Bennett, *et al.*. Reflectance-based determination of optical properties in highly attenuating tissue [J]. *J Biomed Opt*, 2003, 8(2): 206–215.
- 11 Q Z Wang, D Le, J Ramella-Roman, *et al.*. Broadband ultraviolet-visible optical property measurement in layered turbid media [J]. *Biomed Opt Express*, 2012, 3(6): 1226–1240.
- 12 M Jäger, F Foschum, A Kienle. Application of multiple artificial neural networks for the determination of the optical properties of turbid media [J]. *J Biomed Opt*, 2013, 18(5): 057005.
- 13 G M Palmer, N Ramanujam. Monte Carlo-based inverse model for calculating tissue optical properties. Part I: Theory and validation on synthetic phantoms [J]. *Appl Opt*, 2006, 45(5): 1062–1071.
- 14 T A Erickson, A Mazhar, D Cuccia, *et al.*. Lookup-table method for imaging optical properties with structured illumination beyond the diffusion theory regime [J]. *J Biomed Opt*, 2010, 15(3): 036013.
- 15 R Zhang, W Verkrusse, B Choi, *et al.*. Determination of human skin optical properties from spectrophotometric measurements based on optimization by genetic algorithms [J]. *J Biomed Opt*, 2005, 10(2): 024030.
- 16 S A Prahl, M Keijzer, S L Jacques, *et al.*. A Monte Carlo model of light propagation in tissue [J]. *SPIE Institute Series*, 1989, IS5: 102–111.
- 17 L H Wang, S L Jacques, L Q Zheng. MCML: Monte Carlo modeling of light transport in multi-layered tissues [J]. *Computer Methods Programs in Biomedicine*, 1995, 47(2): 131–146.
- 18 E Alerstam, T Svensson, S Andersson-Engels. Parallel computing with graphics processing units for high-speed Monte Carlo simulation of photon migration [J]. *J Biomed Opt*, 2008, 13(6): 060504.
- 19 E Alerstam, W C Y Lo, T D Han, *et al.*. Next-generation acceleration and code optimization for light transport in turbid media using GPUs [J]. *Biomed Opt Express*, 2010, 1(2): 658–675.
- 20 F H Cai, S L He. Using graphics processing units to accelerate perturbation Monte Carlo simulation in a turbid medium [J]. *J Biomed Opt*, 2012, 17(4): 040502.
- 21 F Herrera, M Lozano, J L Verdegay. Tackling real-coded genetic algorithms: operators and tools for behavioural analysis [J]. *Artificial Intelligence Review*, 1998, 12(4): 265–319.
- 22 V Tuchin. *Tissue Optics: Light Scattering Methods and Instruments for Medical Diagnosis*. Second Edition [M]. Washington: SPIE Press, 2007. 145–191.

栏目编辑：韩 峰