

基于非凸稀疏正则的荧光分子断层成像

郭红波 贺小伟 侯榆青 董 芳 张书玲

西北大学信息科学与技术学院, 陕西 西安 710069

摘要 为提高荧光分子断层成像(FMT)的重建精度,将非凸 $L_p(0 < P < 1)$ 正则化引入到 FMT 重建中。为有效求解包含非凸惩罚项的优化问题,结合加权同伦算法(WHA)提出了快速迭代重建算法,将 L_p 正则化问题转化为一组加权的 L_1 正则化问题求解。异质仿体上的仿真实验表明, $L_p(0 < P < 1)$ 相较 L_1 正则化重建在荧光目标定位和定量方面都有提高。而且通过比较 6 种不同的正则子,评估了参数 P 的选择对重建结果的影响,结果表明当 $1/3 \leq P \leq 1/2$ 时,非凸正则子算法可以取得最优的重建结果。

关键词 医用光学; 非凸正则化; 加权同伦算法; 荧光分子断层成像; 重建算法

中图分类号 TP391; Q63

文献标识码 A

doi: 10.3788/AOS201535.0717001

Fluorescence Molecular Tomography Based on Nonconvex Sparse Regularization

Guo Hongbo He Xiaowei Hou Yuqing Dong Fang Zhang Shuling

School of Information Technology, Northwest University, Xi'an, Shaanxi 710069, China

Abstract To improve the accuracy of fluorescence molecular tomography (FMT), non-convex $L_p(0 < P < 1)$ regularization is introduced into 3D reconstruction. By transforming the non-convex optimization problem into a series of weighted L_1 regularization problems, an iterative reconstruction scheme based on the weighted homotopy algorithm (WHA) is proposed to efficiently solve the optimization problem with non-convex $L_p(0 < P < 1)$ penalty. Simulations on a heterogeneous phantom demonstrate that the proposed $L_p(0 < P < 1)$ regularization algorithm has better performance than L_1 regularization in terms of location error and fluorescent yield. Comparison results with six different regularizers assess the impact of parameter P on the reconstruction. The results demonstrate that the best reconstruction results can be obtained with $1/3 \leq P \leq 1/2$.

Key words medical optics; non-convex regularization; weighted homotopy algorithm; fluorescence molecular tomography; reconstruction algorithms

OCIS codes 170.3010; 170.6960; 170.6280

1 引言

荧光分子断层成像(FMT)是一种重要的光学分子成像模态。生物组织内部高特异性的荧光分子探针受到近红外光激发后,能吸收能量、产生能级跃迁、产生波长大于激发光波长的荧光,荧光在生物体内历经多次散射和吸收后部分光子透射出生物体表面,人们通过高灵敏 CCD 相机采集体表的光子信息,并根据准确的光传输模型可重建荧光探针的三维空间分布与浓度信息得到断层成像,从而实现在分子或细胞水平下无创探测生物体的生理或病理过程^[1-2]。FMT 具有灵敏度高,时间分辨率高,无电离辐射,成本低以及成像快捷等优点,在预临床研究中得到广泛关注^[3-4]。

在数学上, FMT 三维重建具有严重不适定性的问题^[5]。为抑制测量中不可避免的噪声对 FMT 重建的影

收稿日期: 2015-01-24; 收到修改稿日期: 2015-03-09

基金项目: 国家自然科学基金(61372046, 61401264)

作者简介: 郭红波(1987—), 男, 博士研究生, 主要从事生物医学图像处理方面的研究。E-mail: ghb@stumail.nwu.edu.cn

导师简介: 贺小伟(1977—), 男, 博士, 副教授, 主要从事光学分子影像、医学图像处理及可视化等方面的研究。

E-mail: hexw@nwu.edu.cn(通信联系人)

响,得到准确的重建结果,研究人员提出了各种基于正则化的重建方法。例如,基于 L_2 正则子的 Tikhonov 正则化方法,由于计算简单等优点最早被用于 FMT 重建^[6]。然而,由于 L_2 正则子的平滑特性,得到的重建结果通常并不能准确反映荧光目标的体积、形状等信息^[7]。为改善重建结果,并考虑 FMT 应用中待重建目标在空间中呈稀疏分布的特征,研究人员转而采用各种稀疏正则子。理论上, L_0 正则子(以模型中非零元素的个数作为惩罚项)能够产生最稀疏的解,但要求解一个组合优化问题,在实际计算中并不可行。研究表明在一定条件下 L_0 与 L_1 正则子在稀疏重建意义下是等价的^[8],因此,在光学分子影像重建研究中诞生了各种基于 L_1 正则子的稀疏重建算法,如加权迭代收缩阈值法(WISTA)^[9],迭代加权最小二乘法(IRLS)^[10],不完全共轭梯度法(IVTCG)^[11],同伦算法(HA)^[12]等。文献[13]对比了 L_2 和 L_1 两种正则子在 FMT 重建中的性能,实验结果表明对于体积较大的靶向目标, L_2 正则子表现稳定,得到了更好的重建结果;但是对于体积较小的靶向目标, L_1 正则子能够表现出更好的稀疏性。

近期统计学习及压缩感知领域的研究表明, L_1 正则子并不能产生最稀疏的解,而非凸的 $L_p(0 < P < 1)$ 正则子具有无偏性、稀疏性等优良特性^[14-15]。文献[16]将非凸正则子引入到光学分子影像重建领域,结合加权内点算法(WIPA)提出一种基于 $L_{1/2}$ 正则子的自发荧光断层成像(BLT)重建算法,并通过实验验证其可行性;在时域 FMT 研究中,利用迭代收缩阈值法(ISTA)同样求解了 $L_p(0 < P \leq 1)$ 正则最小化问题,充分显示非凸正则子在预临床研究中的潜力^[17]。文献[18]系统地比较了不同正则子对重建目标稀疏性的影响,实验结果表明,对于较小的荧光目标 $L_p(0 < P \leq 1)$ 正则子表现更好。但是在 FMT 中, $L_p(0 < P < 1)$ 正则子稀疏性与参数 P 之间的关系以及求解非凸优化模型的高效算法仍需要探究。

本文针对小目标 FMT 重建问题,采用 $L_p(0 < P < 1)$ 正则子,基于加权同伦算法(WHA)提出了一种新颖的非凸优化重建算法,并通过异质仿体上的仿真实验系统评估了参数 P 的选择对重建结果的影响以及所提出算法的性能。

2 理论方法

2.1 光传输模型

在稳态 FMT 中,耦合扩散近似方程常用于描述近红外谱段(波长 700~900 nm)光子在生物组织中的传输^[19]:

$$\begin{cases} \nabla \cdot [D_x(r) \nabla \Phi_x(r)] - \mu_{ax}(r) \Phi_x(r) = -\Theta_s \delta(r - r_1) \\ \nabla \cdot [D_m(r) \nabla \Phi_m(r)] - \mu_{am}(r) \Phi_m(r) = -\Phi_x(r) \eta \mu_{af}(r), r \in \Omega \end{cases} \quad (1)$$

式中 x 和 m 代表激发光和发射光; r 是研究区域 Ω 中的点; $\Phi_{m,x}$ 代表光流量密度; $D_{m,x} = 1/3[\mu_{ax,am} + (1-g)\mu_{sx,sm}]$ 是光在生物组织中的扩散系数,其中 $\mu_{sm,sx}$ 代表散射系数, $\mu_{am,ax}$ 是吸收系数, g 为各向异性因子,通常取 $g=0.9$; $\eta \mu_{af}(r)$ 代表待求的荧光产额分布; r_1 和 Θ_s 分别代表光源位置和振幅。

结合 Robin 边界条件,采用有限元方法求解(1)式可以建立如下线性关系:

$$AX = \Phi, \quad (2)$$

式中 N 维列向量 X 代表待求的荧光目标分布, N 为有限元离散后的网格包含的结点数目; Φ 是 M 维的列向量,代表获得的表面荧光测量信息, M 为表面探测器数目; A 是 $M \times N$ 的稀疏矩阵,主要取决于生物体的器官结构分布和光学特性。

2.2 基于 L_p 正则子的重建算法

为克服 FMT 的不适定性,并得到稀疏的解,引入 $L_p(0 < P < 1)$ 正则子,可得重建模型为

$$\min_x \left\{ \frac{1}{2} \|AX - \Phi\|_2^2 + \lambda \|X\|_p^p \right\}, \quad (3)$$

式中 λ 代表正则化参数, $\|X\|_p = \left(\sum_{i=1}^n |X_i|^p \right)^{1/p}$; 由于(3)式中目标函数非凸,直接求解困难,将其变形并采用迭代方式求解。(3)式可以变形为

$$\min_x \left\{ \frac{1}{2} \|AX - \Phi\|_2^2 + \lambda \sum_{i=1}^n \frac{|X_i|}{|X_i|^{1-p} + \kappa} \right\}, \quad (4)$$

式中 κ 是一个很小的正数修正项。令 $W_n = \frac{\lambda}{|X_i^{n-1}|^{1-p} + \kappa}$, (4)式可转化为一个加权 L_1 正则的最小化问题:

$$\min_x \left\{ \frac{1}{2} \|AX - \Phi\|_2^2 + \sum_{i=1}^n W_n |X_i| \right\}. \quad (5)$$

通过迭代重赋权,可将非凸 L_p 正则最小化问题转化为一列凸 L_1 正则化问题求解。在这里,对于(5)式,采用 WHA 进行权值的更新和快速迭代求解^[20]。

2.3 加权同伦算法

引入一个同伦参数 ε , (5)式可以在同伦框架下写为

$$\min_x \sum_i [(1-\varepsilon)W_n + \varepsilon W_{n+1}] |X_i| + \frac{1}{2} \|AX - \Phi\|_2^2, \quad (6)$$

当 ε 从 0 逐渐变化为 1 时, W_n 逐渐变化为 W_{n+1} , 实现权值的更新。对每一个 ε , (6)式的解 X^* 满足约束条件:

$$\begin{cases} \mathbf{a}_i^T (AX^* - \Phi) = -[(1-\varepsilon)W_n + \varepsilon W_{n+1}] z_i, & i \in \Gamma \\ \left| \mathbf{a}_i^T (AX^* - \Phi) \right| < (1-\varepsilon)W_n + \varepsilon W_{n+1}, & i \in \Gamma^c \end{cases} \quad (7)$$

式中 Γ 代表 X^* 的支持向量集合, Γ^c 代表 Γ 集合的补集, z 代表 X^* 在 Γ 下的符号函数序列, \mathbf{a}_i 代表 A 的第 i 列。

当 ε 改变为 $\varepsilon + \delta$ 时 (δ 为一个很小的变化量), 解 X^* 将会沿着 ∂X 方向进行改变,

$$\partial X = \begin{cases} (A_r^T A_r)^{-1} (W_i - W_{i+1}) z, & i \in \Gamma \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (8)$$

并且(7)式的约束也会相应变为

$$A_r^T (AX^* - \Phi) + \delta A_r^T A \partial X = -[(1-\varepsilon)W_n + \varepsilon W_{n+1}] z + \delta (W_n - W_{n+1}) z, \quad (9)$$

$$\left\| \underbrace{\mathbf{a}_i^T (AX^* - \Phi)}_{p_i} + \underbrace{\delta \mathbf{a}_i^T A \partial X}_{d_i} \right\|_{\infty} \leq \underbrace{(1-\varepsilon)W_n + \varepsilon W_{n+1}}_{q_i} + \underbrace{\delta (W_{n+1} - W_n)}_{s_i}. \quad (10)$$

X^* 在 ∂X 方向的变化量可用 $\delta^* = \min(\delta^+, \delta^-)$ 表示, 其中 $\delta^+ = \min_{i \in \Gamma^c} \left(\frac{q_i - p_i}{-s_i + d_i}, \frac{-q_i - p_i}{s_i + d_i} \right)_+$ 代表满足(10)式的最小变化量;

$\delta^- = \min \left(\frac{-X_i^*}{\partial x_i} \right)_+$ 代表使现有 X^* 元素降为零的最小变化量。因此, 当 ε 变化为 $\varepsilon + \delta$, X^* 变化为 $X^* + \delta^* \partial X$ 。迭代

直到 $\varepsilon = 1$ 终止。

图 1 给出了基于 WHA 算法的迭代重建流程。

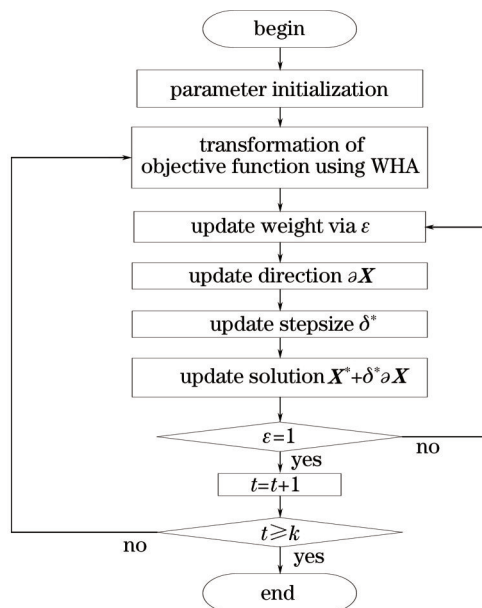


图 1 基于 WHA 算法的迭代重建流程图

Fig.1 Flow chart of iterative reconstruction based on WHA

3 实验与结果

3.1 实验设置

仿真实验采用如图 2(a)所示异质圆柱仿体作为研究对象。圆柱体的半径为 10 mm,高为 30 mm,主要包含肌肉,肝脏,肺,心脏,骨骼 5 个器官,各器官的光学参数如表 1 所示^[21]。荧光靶目标用边长为 1 mm 的立方体来模拟,放置在肺部,荧光产额设定为 0.05 mm^{-1} 。18 个激发点均匀地分布在 $Z = 15 \text{ mm}$ 平面,如图 2(b)所示。

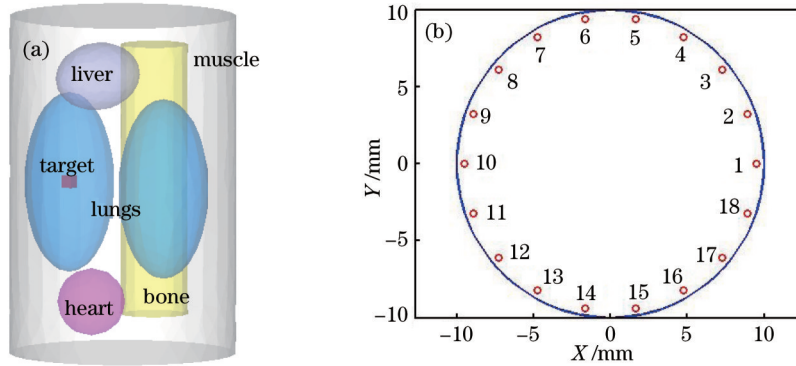


图 2 (a) 异质圆柱仿体模型,包含肌肉,肝,肺,心脏,骨骼;(b) 激发点在 $Z=15 \text{ mm}$ 平面的分布

Fig.2 (a) A heterogeneous cylindrical phantom, including muscle, liver, lungs, heart, and bone;

(b) distribution of excitation sources at plane of $Z=15 \text{ mm}$

表 1 圆柱仿体的光学参数

Table 1 Optical parameters for the cylindrical phantom

| Material | $\mu_{ax}' / \text{mm}^{-1}$ | $\mu_{sx}' / \text{mm}^{-1}$ | $\mu_{am} / \text{mm}^{-1}$ | $\mu_{sm}' / \text{mm}^{-1}$ |
|----------|------------------------------|------------------------------|-----------------------------|------------------------------|
| Muscle | 0.0052 | 10.8 | 0.0068 | 10.3 |
| Heart | 0.0083 | 6.733 | 0.0104 | 6.6 |
| Lungs | 0.0133 | 19.7 | 0.0203 | 19.5 |
| Liver | 0.0329 | 7.0 | 0.0176 | 6.6. |
| Bone | 0.006 | 60.09 | 0.003 | 30.74 |

3.2 单目标重建实验

在单目标实验中,荧光目标中心点坐标设定为 $(-1,5,15)$ 。为得到表面测量数据,包含光源的圆柱仿体被剖分为一个包含 25109 个节点和 140935 个四面体的有限元网格,经过前向计算所得到的表面荧光分布如图 3 所示。与前向网格不同,较粗的逆向网格由剖分圆柱仿体得到,仅包含 7692 个节点和 41977 个四面体。

为评估不同的 P 对重建结果的影响,实验中分别选取 $P = 1/4, 1/3, 1/2, 2/3, 3/4, 1$ 做重建比较。实验中参数手动调节,当选取 $\kappa = 1 \times 10^{-5}$ 时,正则化参数 λ 在 $10^{-12} \sim 10^{-9}$ 范围内可以取得满意的重建结果。图 4 所示为重建结果在 $Z = 15 \text{ mm}$ 平面的截面图。图 5 所示为目标区域局部的三维重建结果。

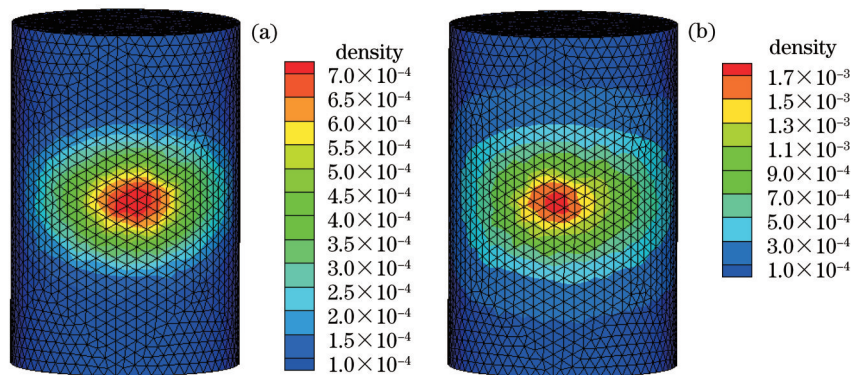


图 3 (a) 单目标前向网格及荧光分布;(b) 双目标前向网格及荧光分布

Fig.3 (a) Forward mesh and photon distribution on surface with single fluorescent target;

(b) forward mesh and photon distribution on surface with double fluorescent targets

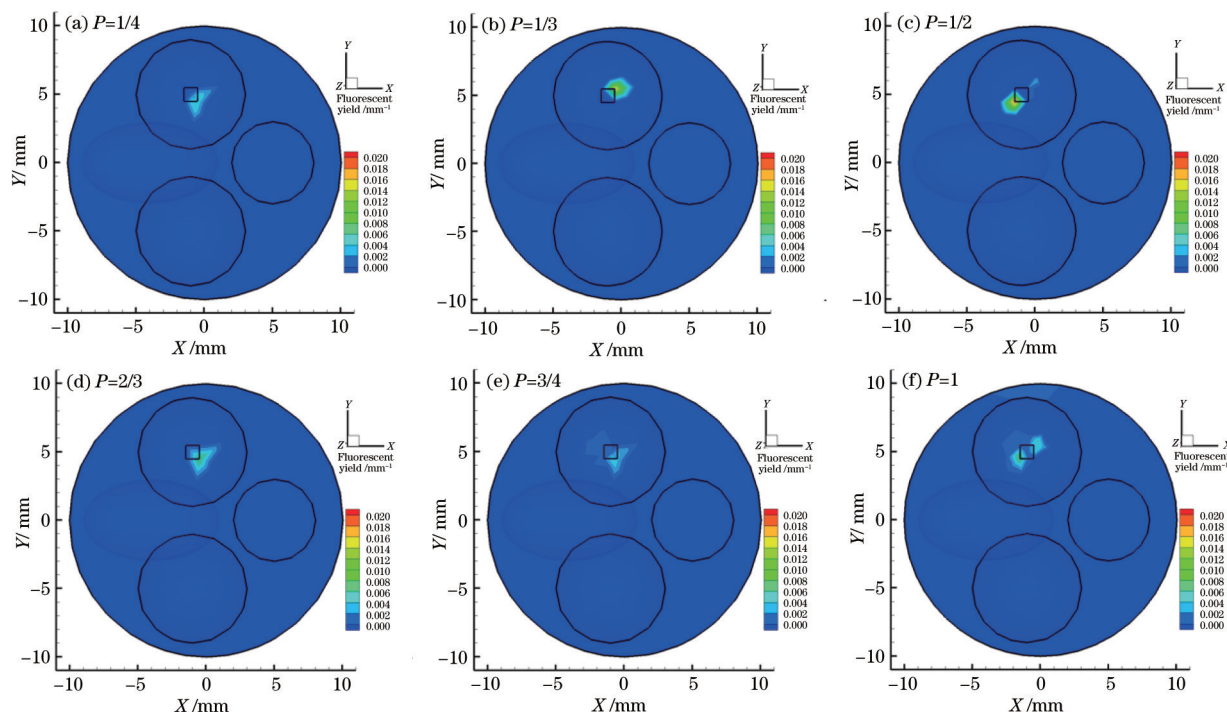


图 4 不同 $L_p(0 < P \leq 1)$ 正则子的单目标重建结果在 $Z = 15 \text{ mm}$ 平面上的截面图,其中黑色方框代表真实的光源

Fig.4 Transverse views of reconstruction results at plane of $Z = 15 \text{ mm}$ in single target case with different L_p , where the small black square denotes the true target

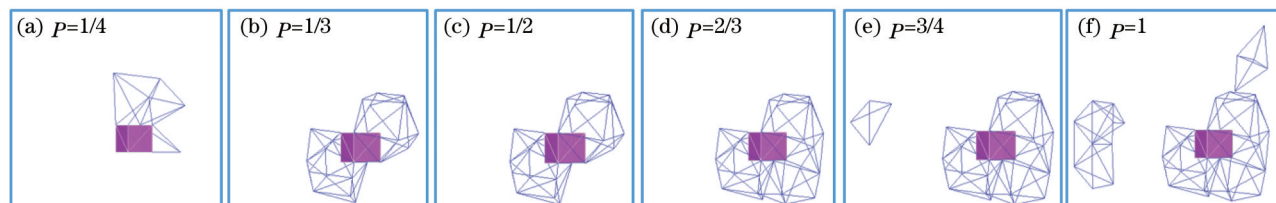


图 5 不同 $L_p(0 < P \leq 1)$ 正则子重建结果在目标区域附近的分布

Fig.5 3D views of the reconstruction results in sub-regions close to the true target

为了定量分析参数 P 对重建结果的影响,实验比较了最大能量点定位误差(Max-LE)、重建中心点定位误差(Mean-LE)、最大荧光产额(Max-FY),平均荧光产额(Mean-FY)和非零解数目(Nnz),如表 2 和图 6 所示。实验结果表明:1) 所有 $L_p(0 < P < 1)$ 正则子重建结果的最大能量点定位坐标一致,证明所提出的重建算法的可行性与稳定性;2) 随着 P 的减小 $L_p(0 < P \leq 1)$ 正则子重建结果稀疏度越高,荧光产额越大;3) 综合比较,当 $1/3 \leq P \leq 1/2$ 时重建结果在定位、定量方面表现最优。

表 2 单目标定量重建结果

Table 2 Quantitative results of single-target reconstruction

| P | 1/4 | 1/3 | 1/2 | 2/3 | 3/4 | 1 |
|---------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| Max-LE | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.87 |
| Mean-LE | 0.87 | 0.17 | 0.34 | 0.84 | 1.49 | 1.74 |
| Nnz | 4 | 8 | 11 | 31 | 57 | 71 |
| Max-FY | 0.0213 | 0.0216 | 0.0216 | 0.0151 | 0.0134 | 0.0125 |
| Mean-FY | 0.0048 | 0.0056 | 0.0051 | 0.0037 | 0.0023 | 0.0011 |

3.3 双目标重建实验

为了测试所提出算法对多目标的辨识能力,进行了双目标的重建实验。与单目标实验中相同的两个荧光目标被放置在仿体肺部,中心坐标分别为 $(-2,4,15)$ 和 $(0,6,15)$,中心相距 2.83 mm 。前向计算中,有限元网格包含 25099 个节点和 140899 个四面体,前向荧光分布信息如图 3(b)所示。逆向网格和单目标重建中相同。图 7、8 分别给出了不同 P 值下得到的双光源重建结果的截面图和三维分布展示。表 3 和图 9 是双目标重建结果的定量比较分析。

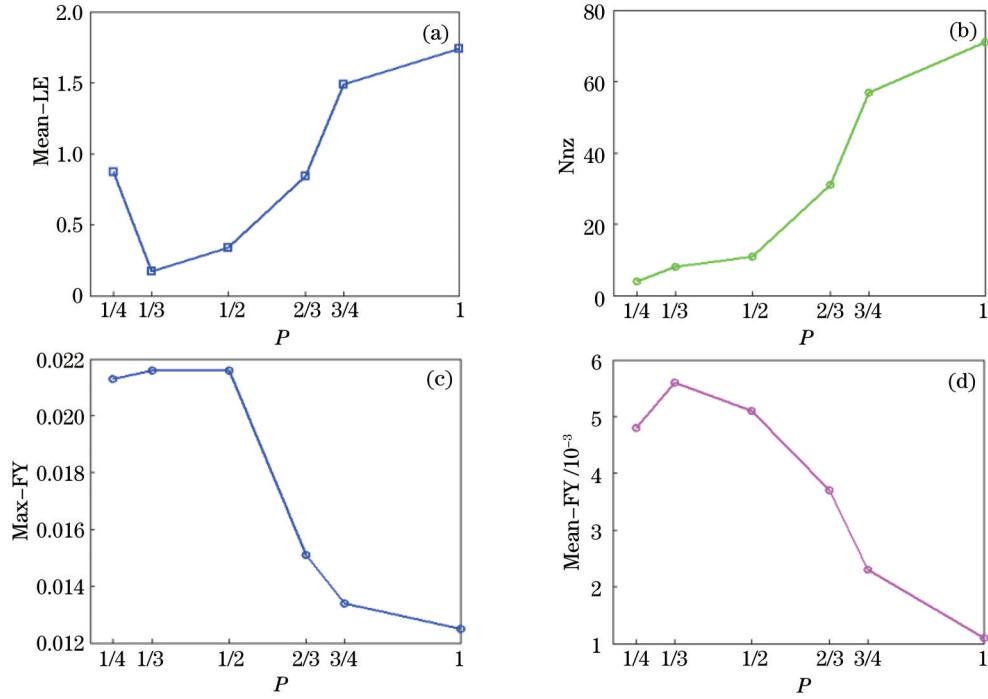


图 6 不同 P 值下单目标重建结果的定量比较

Fig.6 Quantitative comparison of single target reconstruction results with different P values

结果表明: 1) 当 $P \leq 3/4$ 时, 最大能量点的定位误差几乎没有发生变化; 2) 与最大能量点定位误差相比, 重建得到的加权中心点坐标波动较大, 这主要是由于在不同的 P 值下解稀疏程度不同, 且光源重建区域的体积大小和能量差异较大; 3) P 越小, 解的稀疏性越高, 对应的荧光产额也越高; 4) 综合各定量指标, 当 $1/3 \leq P \leq 1/2$ 时, 获得了更好的重建结果。

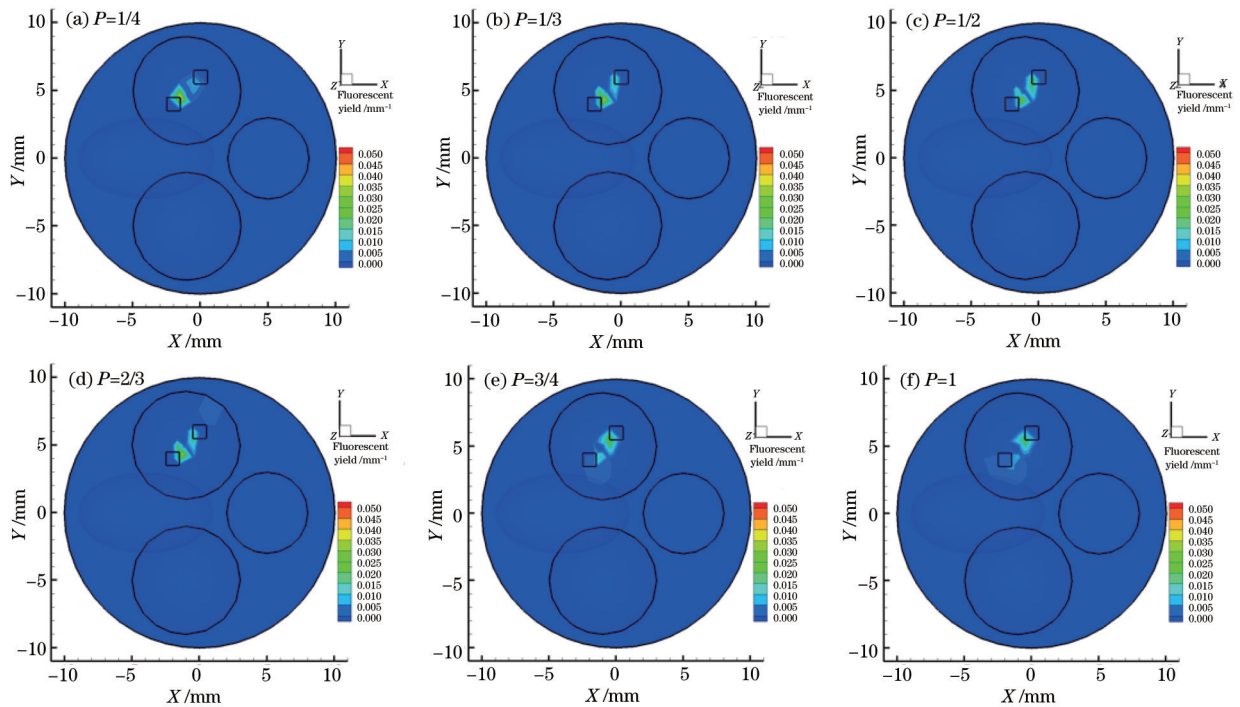


图 7 不同 L_p ($0 < P \leq 1$) 正则子双目标重建结果在 $Z = 15$ mm 平面上的截面图, 其中两个黑色方框代表真实的两个光源

Fig.7 Transverse views of reconstruction results at plane of $Z = 15$ mm in double-target case with different L_p ,

where the small black squares denote the true targets

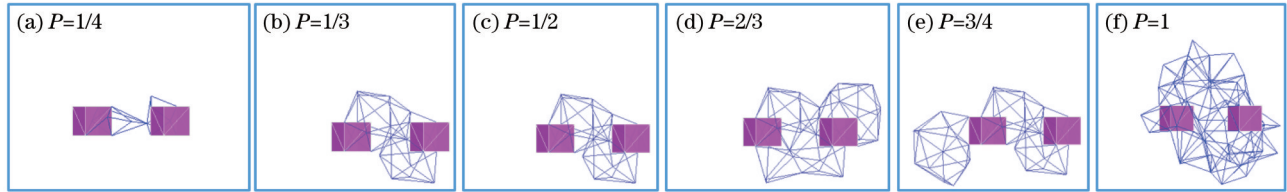


图 8 $L_p(0 < P \leq 1)$ 正则子的重建结果三维立体展示

Fig.8 3D views of the reconstruction results in sub-regions close to true targets

表 3 双目标重建结果

Table 3 Quantitative results of double-target reconstruction

| P | 1/4 | 1/3 | 1/2 | 2/3 | 3/4 | 1 |
|----------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Max-LE ₁ | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 1.78 |
| Max-LE ₂ | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.87 |
| Mean-LE ₁ | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 1.52 | 1.62 | 2.14 |
| Mean-LE ₂ | 0.87 | 0.87 | 0.87 | 0.84 | 1.49 | 0.91 |
| Nnz | 3 | 7 | 9 | 21 | 52 | 88 |
| Max-FY ₁ | 0.031 | 0.039 | 0.040 | 0.039 | 0.041 | 0.036 |
| Max-FY ₂ | 0.060 | 0.049 | 0.042 | 0.019 | 0.010 | 0.006 |

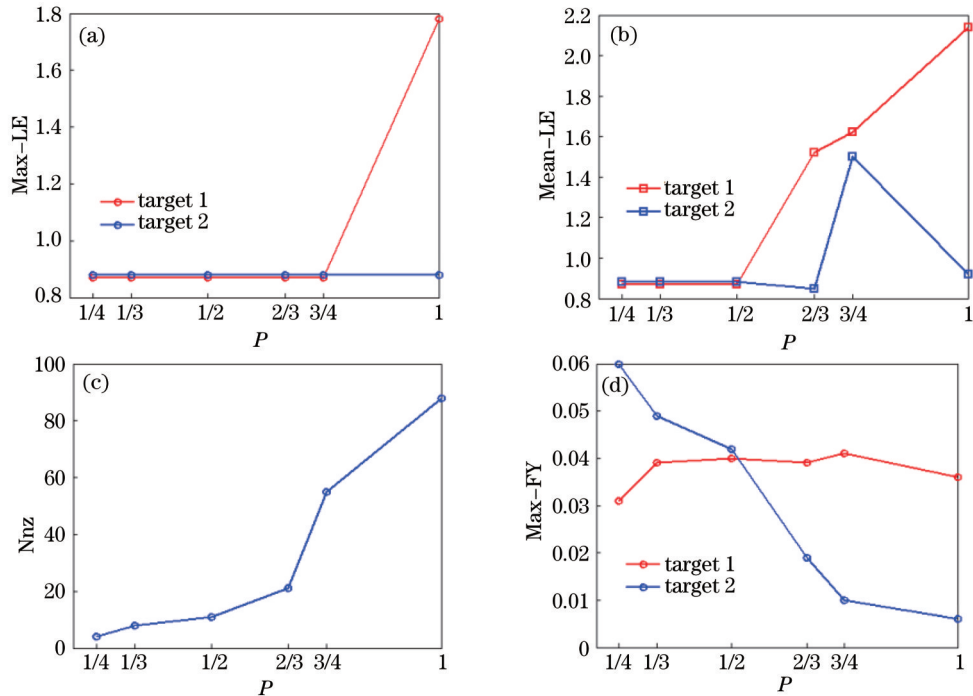


图 9 双目标重建定量比较

Fig.9 Quantitative comparison of double-target reconstruction results with different P values

4 结 论

针对 FMT 在肿瘤早期检测等预临床研究中存在的小目标检测问题,一方面提出了基于非凸正则子的重建算法,将非凸模型转化为一系列加权 L_1 正则子问题,并结合 WHA 设计了快速迭代重建算法,有效地解决了非凸正则子的求解问题;另一方面通过实验评估了 $L_p(0 < P < 1)$ 正则子中参数 P 对重建结果的影响。单光源及双光源的实验结果一致表明:1) 当 $P \leq 1/4$ 时,重建结果的稀疏度过高,荧光产额也在 0.1 nW/mm^3 以上,偏差太大;2) 当 $1/3 \leq P \leq 1/2$ 时,实验的重建结果在定位、定量各个指标的评定下都是最优的;3) 随着参数 P 的逐步增大,重建结果的稀疏性变差,荧光产额也越来越低。仿真实验不仅验证了所提出的基于加权同伦的非凸正则子求解算法的可行性与高效性,而且为今后非凸 $L_p(0 < P < 1)$ 正则子参数 P 的选取给出了指导。

- 1 Ntziachristos V, Tung C H, Bremer C, *et al.*. Fluorescence molecular tomography resolves protease activity in vivo[J]. Nature Medicine, 2002, 8(7): 757-761.
- 2 Deliolanis N, Lasser T, Hyde D, *et al.*. Free-space fluorescence molecular tomography utilizing 360° geometry projections[J]. Optics Letters, 2007, 32(4): 382-384.
- 3 Bai J, Xu Z. Fluorescence Molecular Tomography[M]. Berlin: Springer Berlin Heidelberg, 2013: 185-216.
- 4 Ale A, Ermolayev V, Herzog E, *et al.*. FMT-XCT: *In vivo* animal studies with hybrid fluorescence molecular tomography-X-ray computed tomography[J]. Nature Methods, 2012, 9(6): 615-620.
- 5 Xu Z, Bai J. Analysis of finite-element-based methods for reducing the ill-posedness in the reconstruction of fluorescence molecular tomography[J]. Progress in Natural Science, 2009, 19(4): 501-509.
- 6 Ale A, Schulz R B, Sarantopoulos A, *et al.*. Imaging performance of a hybrid X-ray computed tomography - fluorescence molecular tomography system using priors[J]. Medical Physics, 2010, 37(5): 1976-1986.
- 7 Bangerth W, Joshi A. Adaptive finite element methods for the solution of inverse problems in optical tomography[J]. Inverse Problems, 2008, 24(3): 034011.
- 8 Donoho D L. For most large underdetermined systems of linear equations the minimal ℓ^1 -norm solution is also the sparsest solution[J]. Communications on Pure and Applied Mathematics, 2006, 59(6): 797-829.
- 9 Zhang Q, Qu X, Chen D, *et al.*. Experimental three-dimensional bioluminescence tomography reconstruction using the l_p regularization [J]. Advanced Science Letters, 2012, 16(1): 125-129.
- 10 Baritau J C, Hassler K, Unser M. An efficient numerical method for general regularization in fluorescence molecular tomography [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2010, 29(4): 1075-1087.
- 11 He X, Liang J, Wang X, *et al.*. Sparse reconstruction for quantitative bioluminescence tomography based on the incomplete variables truncated conjugate gradient method[J]. Optics Express, 2010, 18(24): 24825-24841.
- 12 Xue Z, Ma X, Zhang Q, *et al.*. Adaptive regularized method based on homotopy for sparse fluorescence tomography[J]. Applied Optics, 2013, 52(11): 2374-2384.
- 13 Yi H, Chen D, Li W, *et al.*. Reconstruction algorithms based on l_1 -norm and l_2 -norm for two imaging models of fluorescence molecular tomography: A comparative study[J]. Journal of Biomedical Optics, 2013, 18(5): 056013.
- 14 Chartrand R. Exact reconstruction of sparse signals via nonconvex minimization[J]. IEEE Signal Processing Letters, 2007, 14(10): 707-710.
- 15 Xu Z B. Data modeling: Visual psychology approach and $L_1/2$ regularization theory[C]. Proceedings of the International Congress of Mathematicians, 2010: 3151-3184.
- 16 Chen X, Yang D, Zhang Q, *et al.*. $L_1/2$ regularization based numerical method for effective reconstruction of bioluminescence tomography [J]. Journal of Applied Physics, 2014, 115(18): 184702.
- 17 Zhao L, Yang H, Cong W, *et al.*. Compressive sensing for early time-gate reconstruction in time-domain fluorescence molecular tomography[C]. Biomedical Optics, Optical Society of America, 2014: BM3A. 37.
- 18 Zhu D, Li C. Nonconvex regularizations in fluorescence molecular tomography for sparsity enhancement [J]. Physics in Medicine and Biology, 2014, 59(12): 2901.
- 19 Cong A, Wang G. A finite-element-based reconstruction method for 3D fluorescence tomography[J]. Optics Express, 2005, 13(24): 9847-9857.
- 20 Asif M S, Romberg J. Sparse recovery of streaming signals using L_1 -homotopy[J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2013, 62(16): 4209-4223.
- 21 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.

栏目编辑: 吴秀娟