

基于随机变量交替方向乘子法的荧光分子断层成像

侯榆青, 金明阳, 贺小伟*, 张 旭

西北大学信息科学与技术学院, 陕西 西安 710127

摘要 增加测量信息可以有效降低荧光分子断层成像(FMT)重建的病态性,但随着数据增多,重建耗时也会显著增加。为了降低 FMT 重建的病态性和提升大规模数据集下的重建效率,结合对偶坐标下降法(DCA)和交替方向乘子法(ADMM)提出了一种改进的随机变量的交替方向乘子法重建优化方法。在原始 ADMM 方法的基础上,增加了一个随机更新规则,在每次迭代中只需要一个或者几个样本,就可加速收敛,使目标函数快速得到最优解,从而达到快速重建的效果。设计了数字鼠仿真实验和真实鼠实验,实验结果表明,所提方法在保证 FMT 重建图像精度的同时,显著提高了重建效率。

关键词 医用光学; 荧光分子断层成像; Lasso 问题; 交替方向乘子法; 图像重建

中图分类号 TP391; Q632 **文献标识码** A

doi: 10.3788/AOS201737.0717001

Fluorescence Molecular Tomography Using a Stochastic Variant of Alternating Direction Method of Multipliers

Hou Yuqing, Jin Mingyang, He Xiaowei, Zhang Xu

School of Information Science and Technology, Northwest University, Xi'an, Shaanxi 710127, China

Abstract Increasing measurement information can effectively reduce the ill-posedness of the fluorescence molecular tomography(FMT) reconstruction. With the increase of data, the time of FMT reconstruction will increase significantly. In order to reduce the ill-posedness of FMT reconstruction and enhance reconstruction efficiency under big data sets, a reconstruction method of improved stochastic variant of alternating direction method of multipliers (ADMM) is proposed by combining dual coordinate ascent (DCA) method and ADMM method. The proposed method offers a stochastic update rule base on the original ADMM method where each iteration requires only one or few sample observations, thus gives speed up of convergence, so that the objective function can get the optimal solution rapidly and achieve the effect of rapid reconstruction. Simulation experiments of digital mouse and real mouse experiment show that the proposed method can guarantee FWT reconstruction images' accuracy and improve reconstruction efficiency.

Key words medical optics; fluorescence molecular tomography (FMT); Lasso problem; alternating direction method of multipliers (ADMM); image reconstruction

OCIS codes 170.3010; 170.3880; 170.6960

1 引 言

光学分子成像是一种依靠智能探测器将具有高亲和力的生物分子可视化的新兴技术^[1]。荧光分子断层成像(FMT)先对生物组织中的光散射进行建模,然后通过定位,量化分析特定荧光染料在生物体内的三维分布,从而可以监测生物体内疾病的发生、发展等过程^[2]。

在荧光分子断层成像过程中,通常采用电荷耦合器件(CCD)全角度非接触式成像系统来采集生物体内的荧光投影数据,如果该数据规模巨大,那么就会使 FMT 逆问题求解时的计算量增大,重建效率降低。此

收稿日期: 2016-02-08; **收到修改稿日期:** 2016-03-23

基金项目: 国家自然科学基金(61640418,61601363)

作者简介: 侯榆青(1963—),女,硕士,教授,主要从事信号处理、医学图像处理 and 数字信号处理器应用技术等方面的研究。E-mail: houyuqing@nwu.edu.cn

* **通信联系人.** E-mail: hexw@nwu.edu.cn

外, FMT 重建是个不适定逆问题^[3], 具有不稳定性, 针对规模巨大的数据, 可根据 FMT 光源稀疏分布和表面测量值不足的特点, 实现快速重建并得到稳定的重建结果。本文结合压缩感知重构理论, 将 FMT 重建问题转化为凸优化问题, 从而使其具备了 Lasso 问题的典型形式^[4]。Lasso 问题在寻找最小二乘或线性回归问题的稀疏问题中有着非常重要的作用。Lasso 问题中包含了平方误差的求和以及 L1 正则化项。正则化项可以减小变量, 从而避免过拟合, 解决了逆问题的不适定性, 使解更加稳定。

目前解决 Lasso 问题的方法有很多种。Efron^[5]在 2004 年提出了最小角回归, 有效解决了潜在的 Lasso 优化问题。在解决大规模数据问题中, Nesterov^[6-7]提出了最优的梯度下降方法和光滑模型, 如快速的交替方向乘子法 (ADMM)^[8]、锥模型优化方法^[9]和快速迭代收缩阈值方法^[10]。ADMM 方法在大规模数据的图像重建中具有更优的重建效果。Goldstein 等^[11]提出了快速的 ADMM 方法; Suzuki^[12]在原有算法的基础上采用随机方法, 进一步提高了算法的收敛性。ADMM 方法在迭代过程中将目标函数的变量进行分离, 使原问题分解成了多个交替的子问题, 因此单位时间内更容易求出全局解。在 FMT 重建过程中, 随着荧光数据增多, 会产生较大的系统矩阵, 使 ADMM 方法耗时大增, 从而影响 FMT 的重建效率。

针对这一问题, 在对偶坐标下降算法的基础上, 结合 ADMM 算法提出了一种随机近端优化算法: 随机对偶坐标下降法的 ADMM 方法 (SDCA-ADMM)。该算法类似于随机对偶坐标下降法 (SDCA), 并继承了 ADMM 方法的属性。SDCA 法将复杂的系统矩阵分解成多个子矩阵, 每次迭代时只选取其中一个子矩阵进行求解, 以此来加速迭代。ADMM 方法是一种 batch 优化方法, 主要解决组合优化问题 $\min f(x) + g(y) \text{ s.t. } \mathbf{A}x + \mathbf{B}y = 0$ (\mathbf{A} 和 \mathbf{B} 为矩阵)。利用 SDCA 法将 ADMM 转换成随机的 batch 优化方法, 之后又提出 mini-batch 方法进行扩展, 提高收敛速率。在 FMT 重建求解中, 运用 SDCA-ADMM 方法来解决复杂的系统矩阵 Φ ($\Phi \in \mathbf{R}^{M \times N}$, $\mathbf{R}^{M \times N}$ 是维度为 $M \times N$ 的实数矩阵), 以 mini-batch 为大小分割整个系统矩阵, 每次迭代时以均匀概率随机选取其中一个 mini-batch 进行优化, 因此不需要大量的内存。实验证明, 在有复杂系统矩阵的 FMT 重建中, 与非随机优化方法相比, 本文所提方法的收敛速率和重建速度要快很多。

2 方法介绍

2.1 前向问题

由光子传输理论可知, 光在生物组织中的传播可以用辐射传输方程 (RTE) 来描述^[13]。但该方程是一个复杂的微分积分方程, 直接求解比较困难, 所以通常采用扩散方程 (DE) 来近似表示辐射传输方程^[14]。FMT 常用耦合的扩散方程来描述:

$$\begin{cases} \nabla [D_x \nabla \Phi_x(r)] + \mu_{ax} \phi(r) = -S(r) \\ \nabla [D_m \nabla \Phi_m(r)] + \mu_{am} \phi(r) = -\Phi_x(r) \cdot x(r) \end{cases} \quad (1)$$

式中 x 和 m 分别代表激发过程和发射过程, D_x 和 D_m 分别为激发光和发射荧光的扩散系数; μ_{ax} 和 μ_{am} 分别为激发光和发射荧光的吸收系数; r 为光源位置, $\Phi_x(r)$ 和 $\Phi_m(r)$ 分别为激发光和发射荧光的光强分布; S 为光强分布; $x(r)$ 为需求解的荧光探针分布, $\phi(r)$ 为光子密度。

2.2 后向问题

在扩散近似模型和 Robin 边界条件^[15]下, 结合有限元方法对 (1) 式进行转换可得

$$\begin{cases} \mathbf{K}_x \cdot \phi_x = S_x \\ \mathbf{K}_m \cdot \phi_m = \mathbf{F}_m \cdot X \end{cases} \quad (2)$$

式中 \mathbf{K}_x 和 \mathbf{K}_m 为系统矩阵, ϕ_x 和 ϕ_m 分别为激发过程和发射过程中的光子密度, S_x 为激发光分布, \mathbf{F}_m 为对 ϕ_x 离散化后的对称矩阵, X 为需要重建的荧光目标。去掉方程中的非测量值后可得到

$$\mathbf{A}X = \Phi, \quad (3)$$

式中 Φ 为表面测量得到的荧光信息, \mathbf{A} 为一个大小为 $m \times n$ 的系统矩阵。系统矩阵 \mathbf{A} 包含了在前向问题求解过程中所得到的每个激发点探测到的结点的荧光强度。

2.3 算法介绍

在 FMT 系统中, 荧光分子探针在生物组织中的分布相对较为稀疏, 因此根据压缩感知理论^[16]可建立

“损失函数+正则化项”的凸优化模型,采用该模型对荧光目标的重建进行求解。对于解决通用的线性正则最优化问题

$$\min_{\mathbf{w} \in \mathbf{R}^d} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n f_i(\mathbf{z}_i^\top \mathbf{w}) + \phi(\mathbf{B}^\top \mathbf{w}), \quad (4)$$

线性约束条件为 $\mathbf{Z}\mathbf{x} + \mathbf{B}\mathbf{y} = 0$ 。式中 \mathbf{R}^d 为维度为 d 的实数矩阵, n 为所有样本数量, f_i 为第 i 个样本的损失函数, \mathbf{z}_i 为给定的第 i 个向量, \mathbf{w} 为样本位置向量, \mathbf{B}^\top 为正则化函数, ϕ 为正则化项, \mathbf{Z} 和 \mathbf{B} 为矩阵, \mathbf{x} 和 \mathbf{y} 分别为样本向量对应的坐标系向量。利用对偶坐标下降方法(DCA)^[17]来解决(4)式的对偶问题

$$\min_{\substack{\mathbf{x} \in \mathbf{R}^n \\ \mathbf{y} \in \mathbf{R}^d}} \left\{ -\frac{1}{n} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n f_i^*(\mathbf{x}_i) + \phi^*\left(\frac{\mathbf{y}}{n}\right) \mid \mathbf{Z}\mathbf{x} + \mathbf{B}\mathbf{y} = 0 \right\}, \quad (5)$$

式中 \mathbf{x}_i 为第 i 个样本值的 \mathbf{x} 坐标系下的值, f_i^* 和 ϕ^* 分别为 f_i 和 ϕ 对应的对偶函数。

在(5)式中,对于每个采样样本,对偶目标有不同的对偶变量,在 DCA 方法的每次迭代中,对偶目标仅对一个对偶变量进行优化,其他的对偶变量则被保存起来。

对偶下降法的目的是尽可能多地增加对偶目标,从而可以选择最优方法使对偶目标最大化。但对于复杂参数,最优化问题的求解会非常困难,因此本文提出了一种随机版本的 DCA 算法,即 SDCA 算法。对于复杂系统矩阵 \mathbf{A} ,首先将系统矩阵分解成 K 个子空间,因此目标函数也就被分解成了 K 个子问题,以均匀概率 $1/K$ 选取一个子空间进行迭代。

此外,本文又引入了 ADMM 算法,针对(4)式,ADMM 算法的迭代形式为

$$\mathbf{y}^{(t)} \leftarrow \operatorname{argmin}_{\mathbf{y}} \left\{ n\phi^*\left(\frac{\mathbf{y}}{n}\right) - \langle \omega^{(t-1)}, \mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y} \rangle + \frac{\rho}{2} \|\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}\|^2 \right\}, \quad (6)$$

$$\mathbf{x}^{(t)} \leftarrow \operatorname{argmin}_{\mathbf{x}} \left\{ \sum_{i=1}^n f_i^*(\mathbf{x}_i) - \langle \omega^{(t-1)}, \mathbf{Z}\mathbf{x} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)} \rangle + \frac{\rho}{2} \|\mathbf{Z}\mathbf{x} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)}\|^2 \right\}, \quad (7)$$

$$\omega^{(t)} \leftarrow \omega^{(t-1)} - \gamma\rho \{ \mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)} \}, \quad (8)$$

式中 ρ 为惩罚参数, γ 为事先提供的参数, t 为第 t 次迭代, ω 为对偶变量。同时引入 mini-batch 方法加速收敛,将子矩阵转换成 mini-batch $I_k, k \in \{1, \dots, K\}$, 每个 mini-batch 被选中的概率统一为 $1/K$, 每组 mini-batch 包含一部分矩阵样本值,每次迭代计算时以均匀概率随机选取第 k 组 mini-batch 进行计算,使用 mini-batch 方法进行迭代时,参数更新规则为

$$\mathbf{q}^{(t)} = \mathbf{y}^{(t-1)} + \frac{\mathbf{B}^\top}{\rho\eta\mathbf{B}} [\omega^{(t-1)} - \rho(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t-1)})], \quad (9)$$

$$\mathbf{y}^{(t)} \leftarrow \operatorname{argmin}_{\mathbf{y}} \left[n\phi^*\left(\frac{\mathbf{y}}{n}\right) - \langle \omega^{(t-1)}, \mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y} \rangle + \frac{\rho}{2} \|\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}\|^2 \right], \quad (10)$$

$$\mathbf{x}_I^{(t)} \leftarrow \operatorname{argmin}_{\mathbf{x}_I} \left[\sum_{i \in I} f_i^*(\mathbf{x}_i) - \langle \omega^{(t-1)}, \mathbf{Z}_I \mathbf{x}_I + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)} \rangle + \frac{\rho}{2} \|\mathbf{Z}_I \mathbf{x}_I + \mathbf{Z}_{\setminus I} \mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)}\|^2 + \frac{1}{2} \|\mathbf{x}_I - \mathbf{x}_I^{(t-1)}\|_{\mathbf{G}_{I,I}}^2 \right], \quad (11)$$

$$\omega^{(t)} \leftarrow \omega^{(t-1)} - \gamma\rho [n(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)}) - (n - n/K)(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t-1)})], \quad (12)$$

式中 \mathbf{q} 为原始 ADMM 方法和对偶 ADMM 方法之间的关系, η 为迭代步长, \mathbf{G} 为任意半正定矩阵, I 为 mini-batch 数量, \mathbf{x}^I 为第 I 块 mini-batch 所在的 \mathbf{x} 坐标系向量。将(9)、(10)、(11)、(12)式代入到交替方向乘子方法中,则迭代形式可转换成

$$\mathbf{q}^{(t)} = \mathbf{y}^{(t-1)} + \frac{\mathbf{B}^\top}{\rho\eta\mathbf{B}} \{ \omega^{(t-1)} - \rho(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t-1)}) \}, \quad (13)$$

$$\mathbf{y}^{(t)} \leftarrow \mathbf{q}^{(t)} - \operatorname{prox} \{ \mathbf{q}^{(t)} \mid n\psi(\rho\eta\mathbf{B} \cdot) / (\rho\eta\mathbf{B}) \}, \quad (14)$$

$$\mathbf{x}_I^{(t)} \leftarrow \operatorname{prox} \left\{ \mathbf{x}_I^{(t-1)} + \frac{\mathbf{Z}_I^\top}{\rho\eta\mathbf{Z}, I} [\omega^{(t-1)} - \rho(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)})] \mid \frac{\sum_{i \in I} f_i^*}{\rho\eta\mathbf{Z}, I} \right\}, \quad (15)$$

$$\omega^{(t)} \leftarrow \omega^{(t-1)} - \gamma\rho \{ n(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)}) - (n - n/K)(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t-1)}) \}. \quad (16)$$

由(6)、(7)、(8)式可以看出 ADMM 算法的两个变量是交替更新的,以此来对 $w^{(T)}$ 进行迭代求解,此算法适合于解决具有可分离变量的凸优化问题。在此基础上,本文将 SDCA 算法的可分解性与 ADMM 算法相结合,形成 SDCA-ADMM 方法。SDCA-ADMM 方法不需要非常大的存储空间,在处理大规模数据时能更快地收敛出最优目标函数值。

SDCA-ADMM 方法的具体步骤如下:

input $\rho, \eta > 0$

initialize $x_0 = 0, y_0 = 0, w_0 = 0$ and $\{I_1, \dots, I_K\}$

for $t = 1$ to T **do**

choose $k \in \{1, \dots, K\}$ uniformly at random, set $I = I_k$

1) set $q^{(t)} = y^{(t-1)} + \frac{\mathbf{B}^T}{\rho\eta\mathbf{B}}[\mathbf{w}^{(t-1)} - \rho(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t-1)})]$

2) update $\mathbf{y}^{(t)} \leftarrow q^{(t)} - \text{prox}[q^{(t)} | n\psi(\rho\eta\mathbf{B} \cdot) / (\rho\eta\mathbf{B})]$

3) update $\mathbf{x}_I^{(t)} \leftarrow \text{prox}\left\{\mathbf{x}_I^{(t-1)} + \frac{\mathbf{Z}_I^T}{\rho\eta\mathbf{z}_I}[\mathbf{w}^{(t-1)} - \rho(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)})] \left| \frac{\sum_{i \in I} f_i^*}{\rho\eta\mathbf{z}_I} \right.\right\}$

4) update $w^{(t)} \leftarrow w^{(t-1)} - \gamma\rho[n(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t)}) - (n - n/K)(\mathbf{Z}\mathbf{x}^{(t-1)} + \mathbf{B}\mathbf{y}^{(t-1)})]$

end for

Output: $w^{(T)}$

3 实验与结果

3.1 实验设置

为验证 SDCA-ADMM 方法的可行性与有效性,设计了三维数字鼠仿体实验,选取高为 35 mm 的躯干部分,包含心脏、肝脏、胃、肾脏、肺和肌肉。其光学参数如表 1 所示^[18]。其中, μ_{ax} 和 μ'_{sx} 为组织器官对激发光的吸收系数和散射系数, μ_{am} 和 μ'_{sm} 为组织器官对发射荧光的吸收系数和散射系数。在单光源实验中,在数字鼠体内放置一个半径为 1 mm、高为 2 mm 的圆柱体荧光目标,将其作为光源,如图 1(a)所示,光源的中心点坐标为(11.90 mm, 6.40 mm, 16.40 mm)。在双光源实验中,在肝脏中放置 2 个半径为 1 mm、高为 2 mm 的圆柱体荧光目标,并将其作为光源,如图 1(b)所示, 2 个光源的中心点坐标分别为(11.80 mm, 10.80 mm, 16.30 mm)和(11.80 mm, 6.30 mm, 16.30 mm),荧光产额设定为 0.05 mm^{-1} 。实验中设定 36 个激发点均匀分布在数字鼠仿体表面 $z = 16.4 \text{ mm}$ 的平面上,如图 1(c)所示。

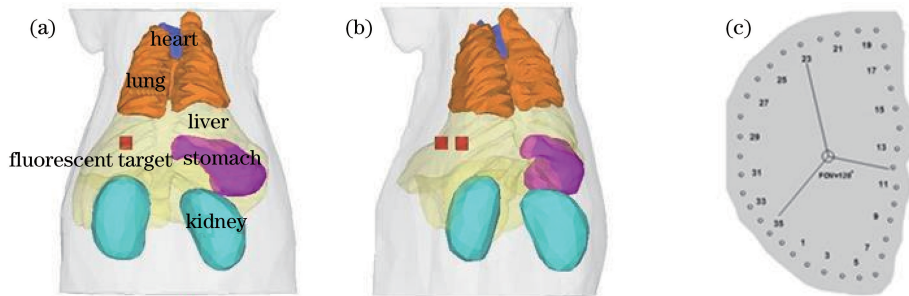


图 1 数字鼠仿体模型。(a)单光源数字鼠躯干模型;(b)双光源数字鼠躯干模型;(c)数字鼠激发点分布

Fig. 1 Digital mouse model. (a) Single light source digital mouse model; (b) double light source digital mouse model; (c) digital mouse excitation points distribution

3.2 仿真实验

3.2.1 单光源实验

在前向实验中,数字鼠仿体被离散化为 16496 个节点和 91749 个四面体网格。在进行重建实验时,所采用的方法为本文提出的 SDCA-ADMM 方法,对比方法为线性 ADMM(L-ADMM)方法、坐标下降方法(DCA)和迭代收缩阈值方法(ISTA)。对于 L-ADMM 方法,引入位置误差 L 作为重建结果的评价标准。位

表 1 数字鼠仿体内不同器官的光学参数

Table 1 Optical parameters of different organs in digital mouse model

Organ	μ_{ax}	μ'_{sx}	μ_{am}	μ'_{sm}
Stomach	0.0114	1.74	0.0070	1.36
Lung	0.0133	1.97	0.0203	1.95
Heart	0.0083	1.01	0.0104	0.99
Liver	0.0329	0.70	0.0176	0.65
Kidney	0.0660	2.25	0.0380	2.02
Muscle	0.0052	1.08	0.0068	1.03

置误差即为重建目标中心和真实目标之间的欧氏距离,位置误差越小说明重建结果与真实位置越接近。图 2 为数字鼠单光源仿真实验重建结果。表 2 为数字鼠仿真实验的重建结果。红色圆柱表示荧光目标的实际位置,绿色区域表示重建出的光源位置。由图 2 和表 2 可以看出,SDCA-ADMM 方法、L-ADMM 方法和 DCA 方法的重建结果差别不大, L 值分别为 0.46,0.38 和 0.55,而 ISTA 方法的重建结果为 0.79;SDCA-ADMM 方法重建耗时约为 L-ADMM 方法和 DCA 方法的 1/5,约为 ISTA 方法的 1/3。

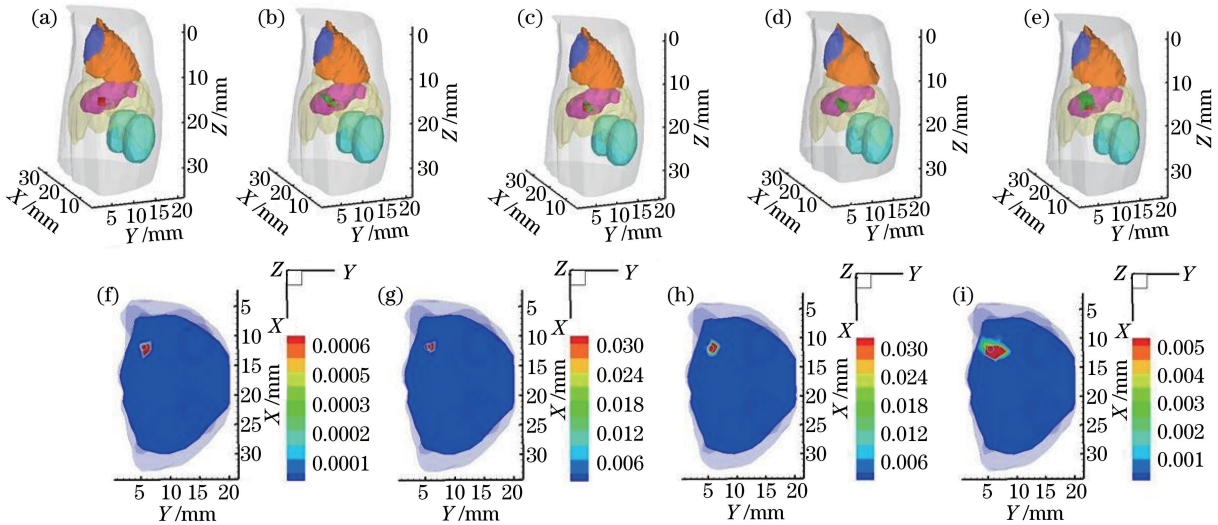


图 2 数字鼠单光源仿真实验结果。(a)重建前的立体图;(b) SDCA-ADMM 方法重建结果;(c) L-ADMM 方法重建结果;(d) DCA 方法重建结果;(e) ISTA 方法重建结果;(f) SDCA-ADMM 方法重建在 $Z=16.4$ mm 处的截面;(g) L-ADMM 方法重建在 $Z=16.4$ mm 处的截面;(h) DCA 方法重建在 $Z=16.4$ mm 处的截面;(i) ISTA 方法重建在 $Z=16.4$ mm 处的截面

Fig. 2 Single light source simulation results of digital mouse. (a) Stereogram before reconstruction; (b) reconstruction with SDCA-ADMM; (c) reconstruction with L-ADMM; (d) reconstruction with DCA; (e) reconstruction with ISTA; (f) cross section at $Z=16.4$ mm with SDCA-ADMM; (g) cross section at $Z=16.4$ mm with L-ADMM; (h) cross section at $Z=16.4$ mm with DCA; (i) cross section at $Z=16.4$ mm with ISTA

表 2 数字鼠单光源仿真实验的定量分析结果

Table 2 Quantitative analysis of single light source simulation of digital mouse

Method	Real position /mm	Reconstruction position /mm	L	Time /s
SDCA-ADMM	(11.9,6.4,16.4)	(11.83,6.30,15.96)	0.46	28.4
L-ADMM	(11.9,6.4,16.4)	(11.64,6.36,16.12)	0.38	147
DCA	(11.9,6.4,16.4)	(11.51,6.46,16.58)	0.55	125.3
ISTA	(11.9,6.4,16.4)	(12.55,6.13,16.03)	0.79	80.5

3.2.2 双光源实验

为验证 SDCA-ADMM 方法在多目标情况下的有效性和稳定性,设置了数字鼠双光源实验。该实验类似于单光源实验,其中前向网格为 18141 个节点和 100859 个四面体单元,逆向网格为 3256 个。将 SDCA-ADMM 方法和 L-ADMM 方法应用到重建中,得到重建结果如图 3 和表 3 所示。从重建结果可以看出,SDCA-ADMM 方法和 L-ADMM 方法、DCA 方法以及 ISTA 方法在重建效果上相差不多,但 SDCA-ADMM

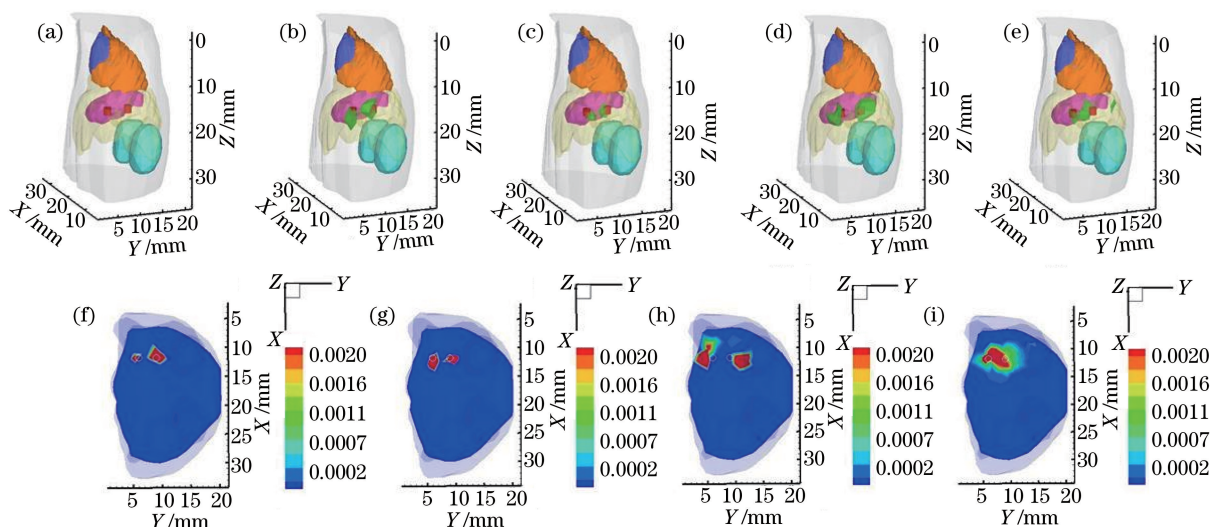


图 3 数字鼠双光源仿真实验结果。(a)重建前的立体图;(b) SDCA-ADMM 方法重建结果;(c) L-ADMM 方法重建结果;
(d) DCA 方法重建结果;(e) ISTA 方法重建结果;(f) SDCA-ADMM 方法重建在 $Z=16.3$ mm 处的截面;
(g) L-ADMM 方法重建在 $Z=16.3$ mm 处的截面;
(h) DCA 方法重建在 $Z=16.3$ mm 处的截面;(i) ISTA 方法重建在 $Z=16.3$ mm 处的截面

Fig. 3 Double light source simulation results of digital mouse. (a) Stereogram before reconstruction; (b) reconstruction with SDCA-ADMM; (c) reconstruction with L-ADMM; (d) reconstruction with DCA; (e) reconstruction with ISTA; (f) cross section at $Z=16.3$ mm with SDCA-ADMM; (g) cross section at $Z=16.3$ mm with L-ADMM; (h) cross section at $Z=16.3$ mm with DCA; (i) cross section at $Z=16.3$ mm with ISTA

表 3 数字鼠双光源仿真实验的定量分析结果

Table 3 Quantitative analysis of double light source simulation of digital mouse

Method	Target	Real position /mm	Reconstruction position /mm	L	Time /s
SDCA-ADMM	Source 1	(11.8,10.8,16.3)	(11.67,9.91,15.67)	1.09	13.69
L-ADMM	Source 1	(11.8,10.8,16.3)	(12.00,10.29,16.85)	0.78	70.86
DCA	Source 1	(11.8,10.8,16.3)	(12.19,11.38,15.63)	0.95	66.58
ISTA	Source 1	(11.8,10.8,16.3)	(11.41,8.49,17.08)	2.55	43.19
SDCA-ADMM	Source 2	(11.8,6.3,16.3)	(11.66,5.95,17.16)	0.94	13.69
L-ADMM	Source 2	(11.8,6.3,16.3)	(12.31,6.43,16.85)	0.68	70.86
DCA	Source 2	(11.8,6.3,16.3)	(11.29,5.40,15.89)	1.27	66.58
ISTA	Source 2	(11.8,6.3,16.3)	(11.45,6.73,17.23)	0.99	43.19

方法的重建耗时明显缩短。

3.3 真实实验

为进一步验证及评价 SDCA-ADMM 方法在实际 FMT 应用中的性能,在成年裸鼠体内植入一个圆柱体荧光目标作为光源进行重建实验。为了给重建实验提供精确的结构信息,将该成年裸鼠的数据按器官进行分割,得到主要的器官结构,包括肺、心脏、肝脏、肾脏和肌肉,如图 4 所示,这些器官的光学参数见表 4。荧光目标的中心点坐标为(21.1 mm,27.8 mm,7.4 mm),实验中设置了 4 个激发点,将实验用的真实鼠模型离散为 49628 个节点和 99998 个四面体单元。在对比实验过程中,DCA 方法得到的 L 值为 3.46,因此在真实实验过程中,不与 DCA 方法进行对比。

真实鼠实验的重建结果如图 5 和表 5 所示。由图 5 和表 6 可以看出,SDCA-ADMM 方法和 L-ADMM 方法的重建结果相差不大,但 SDCA-ADMM 方法的重建耗时明显少于 L-ADMM 方法。

目前,BLT(生物发光断层)和 FMT 等光学成像技术仅处于预临床阶段,仅通过搭建仿真系统平台在仿体以及活体小鼠上进行实验。根据文献可知,任胜寒等^[19]在进行快速 BLT 重建中,仿体实验和真实实验的 L 值分别为 2.62 和 2.75;罗建文等^[20]在实现时域 FMT 重建系统时,仿真实验得到的 L 值为 0.6。本文所提

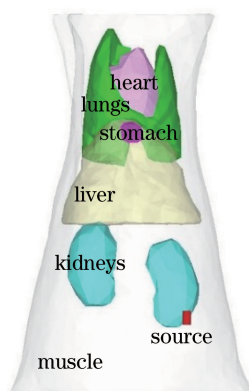


图 4 真实鼠的躯干模型

Fig. 4 Real mouse torso model

SDCA-ADMM 方法与对比方法的仿真实验和真实实验重建精度之间的差距可以忽略不计,故 SDCA-ADMM 方法能够实现快速 FMT 重建。

表 4 真实鼠各器官的光学参数

Table 4 Optical parameters of different organs of real mouse

Organ	μ_{ax}	μ'_{sx}	μ_{am}	μ'_{sm}
Muscle	0.075	0.412	0.043	0.35
Lung	0.051	0.944	0.03	0.87
Heart	0.170	2.15	0.097	2.093
Kidney	0.010	1.417	0.007	1.340
Liver	0.058	2.204	0.034	2.021

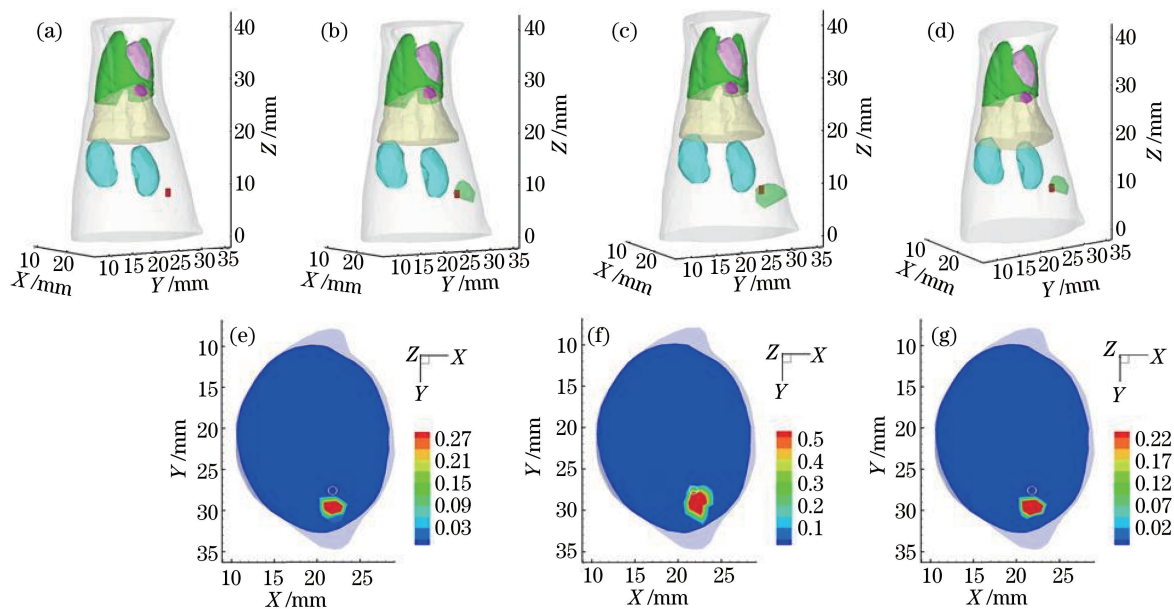


图 5 真实鼠躯干实验的重建结果。(a)重建前的鼠体;(b) SDCA-ADMM 方法重建结果;(c) L-ADMM 方法重建结果;
(d) ISTA 方法重建结果;(e) SDCA-ADMM 方法重建在 $Z=7.4$ mm 的截面;
(f) L-ADMM 方法重建在 $Z=7.4$ mm 的截面;(g) ISTA 方法重建在 $Z=7.4$ mm 的截面

Fig. 5 Reconstruction results for real mouse torso. (a) Stereogram before reconstruction; (b) reconstruction with SDCA-ADMM; (c) reconstruction with L-ADMM; (d) reconstruction with ISTA; (e) cross section at $Z=7.4$ mm with SDCA-ADMM; (f) cross section at $Z=7.4$ mm with L-ADMM; (g) cross section at $Z=7.4$ mm with ISTA

表 5 真实鼠躯干实验重建结果的定量分析

Table 5 Quantitative analysis of reconstruction results of real mouse torso

Method	Real position /mm	Reconstruction position /mm	L	Time /s
SDCA-ADMM	(21.1,27.8,7.4)	(20.88,29.13,7.03)	1.40	3.78
L-ADMM	(21.1,27.8,7.4)	(21.71,28.97,7.64)	1.34	19.57
ISTA	(21.1,27.8,7.4)	(21.83,29.21,7.75)	1.63	23.16

4 结 论

针对 FMT 的大规模数据重建精度和效率问题,提出了一种随机对偶坐标下降迭代的 ADMM 方法——SDCA-ADMM 方法。该方法在 FMT 重建求解时,将重建求解过程转化成解决凸优化问题,既具有 ADMM 方法解决凸优化问题的属性,又具有 SDCA 方法的可分解性。此外,针对复杂的系统矩阵,又提出了 mini-batch 方法进行扩展,提高了收敛速率。仿真实验和真实实验表明,采用 SDCA-ADMM 方法既能有效减小求解时占用的内存,又能在保证重建精度的情况下减少计算耗时。针对大规模荧光投影数据,FMT 的重建效率得到了较大提高。

参 考 文 献

- [1] McLaughlin W, Vizard D. Kodak in vivo imaging system: precise coregistration of molecular imaging with anatomical X-ray imaging in animals[J]. Nature Methods Application Notes, 2006: 26-28.
- [2] Ntziachristos V, Tung C H, Bremer C, *et al.* Fluorescence molecular tomography resolves protease activity in vivo[J]. Nature Medicine, 2002, 8(7): 757-760.
- [3] Dong Fang, Hou Yuqing, Yu Jingjing, *et al.* Fluorescence molecular tomography via greedy method combined with region-shrinking strategy[J]. Laser & Optoelectronics Progress, 2016, 53(1): 011701.
董芳,侯榆青,余景景,等. 结合区域收缩和贪婪策略的荧光分子断层成像[J]. 激光与光电子学进展, 2016, 53(1): 011701.
- [4] Tibshirani R. Regression shrinkage and selection via the lasso: a retrospective[J]. Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology), 2011, 73(3): 273-282.
- [5] Efron B, Hastie T, Johnstone I, *et al.* Least angle regression[J]. Annals of Statistics, 2004, 32(2): 407-499.
- [6] Nesterov Y. Introductory lectures on convex optimization: a basic course[M]. [S.l.]: Springer Science & Business Media, 2013.
- [7] Nesterov Y. Smooth minimization of non-smooth functions[J]. Mathematical Programming, 2005, 103(1): 127-152.
- [8] Chan R H, Tao M, Yuan X. Constrained total variation deblurring models and fast algorithms based on alternating direction method of multipliers[J]. SIAM Journal on Imaging Sciences, 2013, 6(1): 680-697.
- [9] Becker S R, Candès E J, Grant M C. Templates for convex cone problems with applications to sparse signal recovery[J]. Mathematical Programming Computation, 2011, 3(3): 165-218.
- [10] Beck A, Teboulle M. A fast iterative shrinkage-thresholding algorithm for linear inverse problems[J]. SIAM Journal on Imaging Sciences, 2009, 2(1): 183-202.
- [11] Goldstein T, Donoghue, Setzer S, *et al.* Fast alternating direction optimization methods[J]. Siam Journal on Imaging Sciences, 2014, 7(3): 1588-1623.
- [12] Suzuki T. Dualaveraging and proximal gradient descent for online alternating direction multiplier method [C]. Proceedings of the 30th International Conference on Machine Learning (ICML-13), Atlanta, 2013, 28(1): 392-400.
- [13] Klose A D, Ntziachristos V, Hielscher A H. The inverse source problem based on the radiative transfer equation in optical molecular imaging[J]. Journal of Computational Physics, 2005, 202(1): 323-345.
- [14] Chu M, Vishwanath K, Klose A D, *et al.* Light transport in biological tissue using three-dimensional frequency-domain simplified spherical harmonics equations[J]. Physics in Medicine & Biology, 2009, 54(8): 2493.
- [15] 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.
- [16] Tsaig Y, Donoho D L. Extensions of compressed sensing[J]. Signal Processing, 2006, 86(3): 549-571.
- [17] Friedman J, Hastie T, Höfling H, *et al.* Pathwise coordinate optimization[J]. The Annals of Applied Statistics, 2007, 1(2): 302-332.
- [18] Guo Hongbo, He Xiaowei, Hou Yuqing, *et al.* Fluorescence molecular tomography based on nonconvex sparse regularization[J]. Acta Optica Sinica, 2015, 35(7): 0717001.
郭红波,贺小伟,侯榆青,等. 基于非凸稀疏正则的荧光分子断层成像[J]. 光学学报, 2015, 35(7): 0717001.
- [19] Ren S H, Hu H H, Li G, *et al.* Multi-atlas registration and adaptive hexahedral voxel discretization for fast bioluminescence tomography[J]. Biomedical Optics Express, 2016, 7(4): 1549-1560.
- [20] Cai C, Zhang L, Zhang J, *et al.* Direct reconstruction method for time-domain fluorescence molecular lifetime tomography[J]. Optics Letters, 2015, 40(17): 4038-4041.