

# 基于改进半阈值法的生物发光断层成像仿真

方子叶, 余景景\*

陕西师范大学物理与信息技术学院, 陕西 西安 710119

**摘要** 提出将百分位半阈值匹配追踪法(PHTPA)应用于生物发光断层成像(BLT)这一光学分子成像模态领域。将 BLT 光源重建为一个  $L_{1/2}$  范数正则化问题,在迭代半阈值算法(HTA)的基础上,结合子空间跟踪和百分位阈值法对其求解。在数字鼠模型上设计多组仿真实验,对改进的半阈值算法进行有效性和收敛性的评估。仿真结果表明,与原有的 HTA 和迭代重赋权算法相比,PHTPA 在不同光源设置下都能得到更为准确的重建结果。

**关键词** 生物光学; 生物发光断层成像; 子空间跟踪; 百分位阈值法; 半阈值算法

**中图分类号** TP319;Q632

**文献标识码** A

**doi:** 10.3788/AOS201939.1017001

## Simulation of Bioluminescence Tomography Based on Improved Half Threshold Algorithm

Fang Ziye, Yu Jingjing\*

School of Physics and Information Technology, Shaanxi Normal University, Xi'an, Shaanxi 710119, China

**Abstract** We propose a percentile half threshold pursuit algorithm (PHTPA) for applying optical molecular imaging modality to bioluminescence tomography (BLT). The BLT reconstruction problem is modeled as an  $L_{1/2}$  regularization problem that can be solved by combining the subspace pursuit (SP) and percentile threshold methods based on the iterative half threshold algorithm (HTA). Several simulations are run on the digital mouse model to evaluate the validity and astringency of PHTPA. The simulation results demonstrate that PHTPA produces more accurate reconstruction results in different source settings when compared with the original HTA and iterative reweighted algorithms.

**Key words** biotechnology; bioluminescence tomography; subspace pursuit; percentile threshold algorithm; half threshold algorithm

**OCIS codes** 170.6960; 100.3190; 170.3010

## 1 引 言

生物发光断层成像(BLT)是一种灵敏度高、成本低的光学分子成像模态<sup>[1]</sup>。BLT 通过生物体表面获取有限测量信息来估计内部生物自发荧光光源的分布,实现在分子细胞水平观测生物体的各种生物学过程。这一在体无创成像模态已成为分子成像领域的研究热点,并在恶性肿瘤早期检测及治疗、药物开发、疗效评估等预临床医学研究中表现出巨大的应用潜力<sup>[1-3]</sup>。但 BLT 光源重建是一个典型的不适定逆问题,而且近红外光在生物组织中传播时要经历多次散射和吸收,增加了光源重建的难度<sup>[4]</sup>,因此 BLT 的广泛应用,仍依赖光源重建算法的不断发展。

为克服 BLT 光源重建逆问题的高度不适定性,研究者们将各种先验信息通过正则化方法结合在重建中,提出各种基于正则化的重建算法<sup>[5-8]</sup>,以得到稳定和近似准确的重建结果。例如,基于  $L_2$  范数正则化的 Tikhonov 正则化算法<sup>[5]</sup>以及基于重建信号稀疏性提出的多种  $L_1$  范数正则化算法<sup>[6-7]</sup>等。相对于传统的  $L_2$  范数正则化算法,基于  $L_1$  范数正则化的重建算法避免了重建信号过平滑的问题,在求解效率和稀疏性方面可以达到较好的折中效果<sup>[8]</sup>。尽管如此, $L_1$  范数正则化算法在许多情况下被证明是次优的<sup>[9]</sup>。为进一步提高重建的精度,近年来在稀疏学习领域, $L_p$  范数( $0 < p < 1$ )代替  $L_1$  范数已成为趋势,其中  $L_{1/2}$  范数作为  $L_p$  范数( $0 < p < 1$ )的代表,为

**收稿日期:** 2019-03-25; **修回日期:** 2019-04-10; **录用日期:** 2019-06-21

**基金项目:** 国家自然科学基金(11871321)、陕西省国际科技合作与交流计划项目(2018KW-066)

\* **E-mail:** yujj@snnu.edu.cn

各类稀疏信号重建问题提供了新的求解范式。

$L_{1/2}$  范数正则化问题是一类非凸、非光滑、非 Lipschitz 连续的优化问题,求解相对困难<sup>[10]</sup>。目前非凸  $L_{1/2}$  范数正则化问题求解主要采用重赋权迭代方法,将其转化为一系列  $L_1$  或  $L_2$  正则化问题,如利用重赋权同伦法求解  $L_{1/2}$  模型<sup>[11]</sup> 及用二次函数来逼近  $L_{1/2}$  正则项<sup>[12]</sup>。2012 年, Xu 等<sup>[13]</sup> 提出了求解  $L_{1/2}$  正则化问题的新方法,即迭代半阈值算法 (HTA)。HTA 在荧光分子断层成像<sup>[14]</sup>、地震资料重建<sup>[15]</sup> 及基因选择<sup>[16]</sup> 等领域得到了广泛的应用。

本文将 HTA 引入到 BLT,初步仿真表明,与  $L_1$  范数重建方法相比,HTA 在 BLT 单目标重建中可得到更准确的结果,但是在双光源的重建中 HTA 却存在重建位置偏差较大等问题。受到匹配追踪<sup>[17]</sup> 和百分位阈值<sup>[15]</sup> 的启发,本文又在 HTA 的基础上提出一种改进的重建算法,即百分位半阈值匹配追踪法 (PHTPA),该方法结合匹配追踪和半阈值法的优点,基于数据驱动的排序模型选择阈值,减少重建中的人为干预,进一步提高了重建精度。数字鼠模型上的多组仿真实验验证了所提方法具有良好的重建性能。

## 2 方 法

### 2.1 BLT 成像模型

考虑到光子在生物组织中传播的高散射和低吸收特性,辐射传输方程的扩散近似模型被广泛应用于各种光学分子成像中,结合 Robin 边界条件的稳态扩散方程可描述为<sup>[2]</sup>

$$-\nabla \cdot D(r) \nabla \Phi(r) + \mu_a(r) \Phi(r) = S(r), \quad r \in \Omega, \quad (1)$$

$$\Phi(r) + 2A(r)D(r)[\mathbf{n} \cdot \nabla \Phi(r)] = 0, \quad r \in \partial\Omega, \quad (2)$$

式中:  $r$  为成像域  $\Omega$  内任意一点;  $\mu_a$  为生物组织的吸收系数;  $S(r)$  为内部光源的能量密度;  $\mathbf{n}$  为指向边界  $\Omega$  外侧的单位法向量;  $\Phi(r)$  为光子强度;  $A$  为边界失配因子,  $A = \frac{1+R_n}{1-R_n}$ ,  $R_n \approx -1.4399n^{-2} + 0.7099n^{-1} + 0.6681 + 0.0636n$ ,  $n$  为生物组织折射率与环境折射率的比值;  $D$  为散射系数,  $D = \frac{1}{3(\mu_a + \mu'_s)}$ ,  $\mu'_s = \mu_s(1-g)$ ,  $g$  为各向异性参数,  $\mu'_s$  为生物组织的约化散射系数。

在给定的光学参数下,基于有限元方法 (FEM)<sup>[4]</sup> 求解漫射近似模型可得到表面测量值与

内部光源间的线性对应关系,即

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

式中:  $\mathbf{A}$  为一个  $M \times N$  的系统矩阵,且  $M \ll N$ ;  $\mathbf{X}$  为光源的分布,是  $N \times 1$  维向量;  $\Phi$  为通过测量得出的边界数据,是  $M \times 1$  维向量。BLT 光源重建通过表面测量到的光子通量密度  $\Phi$  来确定内部光源  $\mathbf{X}$  的三维分布,但由于  $\mathbf{A}$  是一个欠定矩阵,所以无法直接通过(3)式求解。

### 2.2 基于 $L_{1/2}$ 范数的重建

结合 BLT 光源重建信号分布的稀疏特性,采用  $L_{1/2}$  正则化方法可将(3)式优化为

$$\arg \min_{\mathbf{x} \in \mathbf{R}} \frac{1}{2} \|\Phi - \mathbf{A}\mathbf{x}\|_2^2 + \lambda \|\mathbf{x}\|_{\frac{1}{2}}. \quad (4)$$

(4)式中的目标函数由损失函数与惩罚项组成,其中  $\|\cdot\|_2$  为  $L_2$  范数,  $L_{1/2}$  范数惩罚项的具体形式为  $\|\mathbf{x}\|_{\frac{1}{2}} = \left( \sum_{i=1}^N |x_i|^{\frac{1}{2}} \right)^{\frac{1}{2}}$ ,  $\lambda$  是正则化参数,其选值直接影响重建结果。

#### 2.2.1 迭代半阈值算法

(4)式中最优问题的一阶最优条件为

$$\mathbf{0} = \mathbf{A}^T(\mathbf{A}\mathbf{x} - \Phi) + \frac{\lambda}{2} \nabla(\|\mathbf{x}\|_{\frac{1}{2}}), \quad (5)$$

式中,  $\nabla(\|\cdot\|_{\frac{1}{2}})$  是惩罚项  $\|\mathbf{x}\|_{\frac{1}{2}}$  的梯度。定义算子为

$$R_{\lambda, \frac{1}{2}}(\cdot) = \left[ \mathbf{I} + \frac{\lambda}{2} \nabla(\|\cdot\|_{\frac{1}{2}}) \right]^{-1}, \quad (6)$$

式中,  $\mathbf{I}$  为单位矩阵。可将(5)式简化为

$$\mathbf{x} = R_{\lambda, \frac{1}{2}}[\mathbf{B}(\mathbf{x})], \quad (7)$$

式中,  $\mathbf{B}(\mathbf{x}) = \mathbf{x} + \mathbf{A}^T(\Phi - \mathbf{A}\mathbf{x})$ 。为获得具有算子  $R_{\lambda, \frac{1}{2}}(\cdot)$  形式的方程,用  $\mathbf{y}$  替换  $\mathbf{x}$ ,  $\mathbf{x}$  替换  $\mathbf{B}(\mathbf{x})$ , 将(7)式改写为

$$\mathbf{y} = R_{\lambda, \frac{1}{2}}(\mathbf{x}), \quad (8)$$

将(8)式整理后可得

$$\mathbf{x} = \mathbf{y} + \frac{\lambda}{2} \nabla(\|\mathbf{y}\|_{\frac{1}{2}}), \quad (9)$$

式中,  $\nabla(\|\mathbf{y}\|_{\frac{1}{2}}) = \left[ \frac{\text{sign}(y_1)}{2\sqrt{y_1}}, \frac{\text{sign}(y_2)}{2\sqrt{y_2}}, \dots, \frac{\text{sign}(y_N)}{2\sqrt{y_N}} \right]^T$ 。

因此(9)式可改写为代数方程,即

$$y_i - x_i + \lambda \frac{\text{sign}(y_i)}{4\sqrt{y_i}} = 0 \quad (10)$$

式中,  $i \in \mathbf{N}$ 。定义  $h_{\lambda, \frac{1}{2}}(x_i)$  为半阈值函数,  $f_{\lambda, \frac{1}{2}}(x_i) = \frac{2}{3}x_i \left\{ 1 + \cos \left[ \frac{2\pi}{3} - \varphi_{\lambda}(x_i) \right] \right\}$ ,  $\varphi_{\lambda}(x_i) = \arccos \left[ \frac{\lambda}{8} \left( \frac{|x_i|}{3} \right)^{-\frac{3}{2}} \right]$ , 则代数方程(10)式的解可

写为

$$y_i = h_{\lambda, \frac{1}{2}}(x_i) = \begin{cases} f_{\lambda, \frac{1}{2}}(x_i), & |x_i| > \frac{3}{4}\lambda^{\frac{2}{3}} \\ 0, & \text{other} \end{cases} \quad (11)$$

结合(8)式和(11)式可得到半阈值算子  $R_{\lambda, \frac{1}{2}}(\mathbf{x})$  为

$$R_{\lambda, \frac{1}{2}}(\mathbf{x}) = [h_{\lambda, \frac{1}{2}}(x_1) \quad h_{\lambda, \frac{1}{2}}(x_2) \quad \cdots \quad h_{\lambda, \frac{1}{2}}(x_N)]^T. \quad (12)$$

将上述的计算结果代入(7)式,待重建的光源信号最终可表示为

$$\mathbf{X} = R_{\lambda, \frac{1}{2}}[\mathbf{B}(\mathbf{X})] = \begin{cases} f_{\lambda, \frac{1}{2}}([\mathbf{B}(\mathbf{X})]_i), & |[\mathbf{B}(\mathbf{X})]_i| > t \\ \mathbf{0}, & \text{other} \end{cases}, \quad (13)$$

式中,  $t$  为 HTA 设定的阈值,其选值一般由正则化参数及问题先验决定<sup>[15]</sup>,也难以确定。因此,将百分位阈值法引入以克服这种问题。百分位阈值是一种简单的由数据驱动的排序模型,对输入数据  $\mathbf{B}(\mathbf{X})$  的分量按照从大到小的顺序排序,然后取出需要位置的值作为输出。定义百分位阈值选取函数  $t = \text{prctile}(|\mathbf{B}(\mathbf{X})|, p), p = \frac{k}{N}$ , 这里  $k$  为用户设定的稀疏化参数,  $N$  为  $\mathbf{B}(\mathbf{X})$  的维数。

### 2.2.2 匹配追踪过程

稀疏模型求解优化算法大致分为 3 类:贪婪算法、正则化算法及统计优化算法<sup>[18]</sup>。其中贪婪算法兼顾运行效率和采样速率,因具有结构简单、运算量小等特点而受到青睐<sup>[19]</sup>。贪婪算法中的一类经典算法是子空间追踪(SP)<sup>[17]</sup>。SP 基于回溯思想,在每步迭代过程中重新估计所有候选者的可信赖性。它的基本思想是为支撑集寻找一个好的候选集,然后用该支持集获得最适合度量的向量。受到 HTA 的启发,将 HTA 的  $\mathbf{B}(\mathbf{X})$  中前  $k$  个最大的元素组成一个候选集,从而为 SP 算法提供一个更好的候选集。对 SP 算法<sup>[20]</sup>分两步总结其迭代过程,即

$$\mathbf{S}_{n+1} = \{\text{indices of } K \text{ largest entries of } \mathbf{A}^T(\Phi - \mathbf{A}\mathbf{X})\}, \quad (14)$$

$$\mathbf{X}_{n+1} = \arg \min \{ \|\Phi - \mathbf{A}\mathbf{Z}\|_2, \text{supp}(\mathbf{Z}) \subseteq \mathbf{S}_{n+1} \}, \quad (15)$$

式中:  $\arg \min$  为使目标函数取最小值时的变量值;  $\text{supp}(\mathbf{Z})$  为在  $\mathbf{S}_{n+1}$  基础上构建新的支撑集。将 SP 算法思想应用到 HTA 中,使 HTA 与匹配追踪相结合,将经 HTA 求得的初步解代入 SP 算法的两步

迭代过程,所得结果为(4)式的解。在(15)式中  $\mathbf{B}(\mathbf{X}_n)$  由  $\mathbf{Z}$  代替,候选集  $\mathbf{S}_{n+1}$  从  $\mathbf{A}^T(\Phi - \mathbf{A}\mathbf{X})$  中选取,因为在 HTA 中  $\mathbf{A}^T(\Phi - \mathbf{A}\mathbf{X}) = \mathbf{A}^T\mathbf{A}(\mathbf{X} - \mathbf{X}_n) \approx \mathbf{X} - \mathbf{X}_n$ , 且  $\mathbf{X} \approx \mathbf{X}_n + \mathbf{A}^T(\Phi - \mathbf{A}\mathbf{X}) = \mathbf{B}(\mathbf{X}_n)$ , 所以(14)(15)式可改写为

$$\mathbf{S}_{n+1} = \{\text{indices of } K \text{ largest entries of } \mathbf{B}(\mathbf{X}_n)\}, \quad (16)$$

$$\mathbf{X}_{n+1} = \arg \min \{ \|\Phi - \mathbf{A}\mathbf{Z}\|_2, \text{supp}(\mathbf{Z}) \subseteq \mathbf{S}_{n+1} \}, \quad (17)$$

再将梯度下降方法运用到(16)、(17)式中,可得更新公式为

$$\mathbf{S}_{n+1} = \text{supp}(\mathbf{U}^{n+1,l}), \mathbf{U}_{n+1,l} = R_{\lambda, \frac{1}{2}}[\mathbf{B}(\mathbf{X}_n)], \quad (18)$$

$$\mathbf{X}_{n+1} = \mathbf{U}^{n+1,l+1}, \mathbf{U}^{n+1,l+1} = [\mathbf{B}(\mathbf{U}^{n+1,l})]_{\mathbf{S}_{n+1}}, \quad (19)$$

式中,  $l$  代表的是 SP 算法的当前迭代次数。

### 2.2.3 正则化参数

在 HTA 中,正则化参数  $\lambda$  可由稀疏化参数  $k$  计算得到,而阈值与正则化参数  $\lambda$  的关系为

$$t = \frac{\sqrt[3]{54}}{4} \lambda^{\frac{3}{2}}. \text{ 假设 } |\mathbf{B}(\mathbf{X}_1)| \geq |\mathbf{B}(\mathbf{X}_2)| \geq \cdots \geq$$

$$|\mathbf{B}(\mathbf{X}_N)|, \text{ 则 } |\mathbf{B}(\mathbf{X}_k)| \geq \frac{\sqrt[3]{54}}{4} \lambda^{\frac{3}{2}} \geq |\mathbf{B}(\mathbf{X}_{k+1})|.$$

由此可得正则化参数  $\lambda$  的取值区间  $\lambda \in \left[ \frac{\sqrt{96}}{9} |\mathbf{B}(\mathbf{X}_{k+1})|^{\frac{2}{3}}, \frac{\sqrt{96}}{9} |\mathbf{B}(\mathbf{X}_k)|^{\frac{2}{3}} \right]$ 。稀疏化参数

$$k \text{ 与正则化参数 } \lambda \text{ 的关系为 } \lambda = \frac{\sqrt{96}}{9} |\mathbf{B}(\mathbf{X}_{k+1})|^{\frac{3}{2}}.$$

综上所述,PHTPA 主要由半阈值过程及匹配追踪过程两个部分组成。首先利用 HTA 对(4)式进行初步求解,再将结果代入 SP 算法的两步迭代过程中优化,最终得到的结果为(4)式的稀疏解,在初步求解过程中利用百分位阈值法进行阈值的选取和计算。

基于 PHTPA 重建的过程为

- 1) 初始化设定,  $\mathbf{X}_0 = \mathbf{0}$ , 最大迭代次数  $> 0$ ;
- 2) 当  $t$  小于等于最大迭代次数或  $\|\mathbf{X}_t - \mathbf{X}_{t-1}\| > 1 \times 10^{-8}$  时, 计算  $\mathbf{B}(\mathbf{X}_t)$  以及  $\lambda_t$ ;
- 3) 如果  $|\mathbf{B}(\mathbf{X}_{t+1})| > t(\lambda, p)$ , 则利用 PHTPA 中半阈值部分计算  $\mathbf{U}_{t+1} = R_{\lambda, \frac{1}{2}}[\mathbf{B}(\mathbf{X}_t)]$ ;
- 4) 通过 PHTPA 匹配追踪部分计算  $\mathbf{X}_{t+1}$ ;
- 5) 当满足循环结束条件时, 结束迭代。

## 3 实验与结果

为验证和评估 PHTPA 在 BLT 中的重建性能,

本文设计了数字鼠的单光源和 2 组双光源实验,在实验中将改进的半阈值算法与光学分子影像中常用的基于  $L_{1/2}$  范数正则化的迭代重赋权算法 (IRW- $L_{1/2}$ )<sup>[11]</sup>、原始的迭代 HTA 进行对比。此外,在单光源实验中对 PHTPA 的收敛性进行分析。为模拟真实实验中不可避免的测量误差,在仿真测量中加入 5% 的高斯噪声,所有重建算法的正则化参数都是通过多次实验手动选择。仿真实验都在 16 GB 内存的 i5-4900 计算机上完成。

表 1 数字鼠器官在 670 nm 波长下的光学参数

Table 1 Optical parameters of digital mouse organs at 670 nm wavelength

Parameter	Muscle	Heart	Stomach	Liver	Kidney	Lung
$\mu_a / \text{mm}^{-1}$	0.10	0.21	0.01	0.126	0.066	0.22
$\mu_s / \text{mm}^{-1}$	1.20	2.00	1.74	0.563	2.250	2.30

### 3.1 单光源实验

单光源实验中,光源置于数字鼠的肾脏中,具体位置为(11.6 mm,6.0 mm,9.2 mm)。为获取仿真的测量数据,在前向计算过程中数字鼠模型被离散为包含 11432 个节点、63182 个四面体的有限元网

实验的数字鼠是非匀质小鼠<sup>[21]</sup>,重建的主要部分是小鼠的躯干,小鼠躯干部分大小为 380 mm×208 mm×340 mm。小鼠躯干主要包含肌肉、心、肝脏、肺、肾脏、胃等器官。在小鼠中放置的光源是半径为 0.5 mm、高为 1.0 mm 的圆柱体。本研究采用中心定位误差( $E_{LE}$ )评估所有算法的定位能力。

$$E_{LE} = \|P_r - P_t\|, \quad (20)$$

式中: $P_t$  是真实光源的中心; $P_r$  是重建光源的中心。实验中使用的光学参数如表 1 所示。

格。在逆向重建过程中采用较粗的四面体网格,包含 4261 个节点和 22751 个四面体。图 1 为仿真中所使用的包含光源的数字鼠模型、前向网格及仿真得到的表面光强分布。表 2 分别为 3 种算法在单光源实验中的定量重建结果。

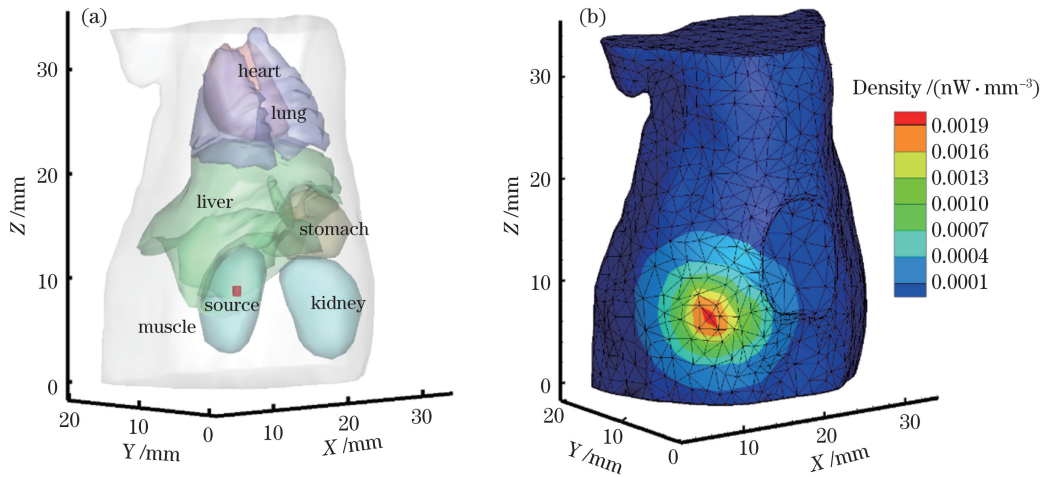


图 1 单光源仿真实验。(a)包含光源的数字鼠模型;(b)前向仿真得到的表面光强分布

Fig. 1 Simulation experiment with single-source. (a) Digital mouse model containing source; (b) surface intensity distribution obtained by forward simulation

表 2 单光源重建结果

Table 2 Reconstruction results in single-source case

Method	Reconstruction position center /mm	$E_{LE} / \text{mm}$
PHTPA	(11.15,6.14,9.66)	0.66
HTA	(11.15,6.17,9.75)	0.73
IRW- $L_{1/2}$	(12.20,7.03,8.99)	1.21

从图 2 和表 2 可以看出,PHTPA 的重建结果比 IRW- $L_{1/2}$ 、HTA 所得到的重建光源分布更接近真实光源,且中心定位误差更小。

### 3.2 双光源实验

在双光源实验中,光源放置于小鼠的肝脏中,具体位置分别为(12.0 mm,8.0 mm,17.0 mm)和(12.0 mm,12.0 mm,17.0 mm),两个光源实际边界相距 3 mm。为测试光源强度对重建算法的影响,考虑双光源密度比为 1:1 和 1:2 两种情况。为得到

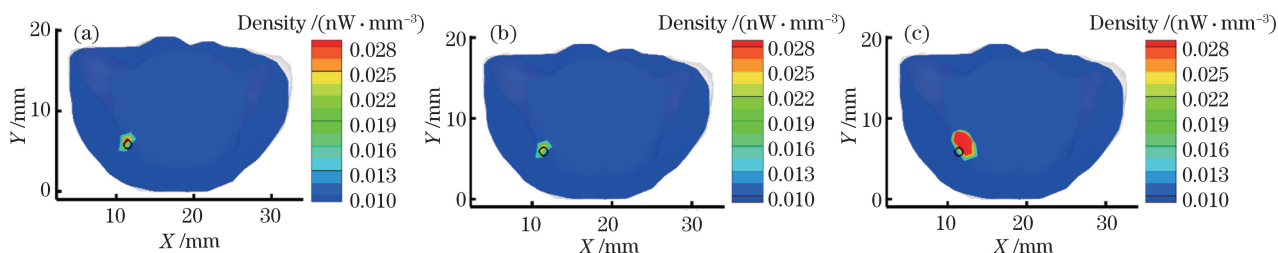


图 2 单光源实验中,3 种算法得到的重建结果在真实光源中心  $Z=9.2$  mm 处的  $XY$  平面的截面视图。

(a) PHTPA; (b) HTA; (c) IRW- $L_{1/2}$ 。其中黑色圆圈代表真实光源

Fig. 2 Cross-sectional views of reconstruction results on the  $XY$  plane at  $Z=9.2$  mm center of the real light source obtained by three algorithms in single-source case. (a) PHTPA; (b) HTA ; (c) IRW- $L_{1/2}$ . Black circle represents real light source

较为准确的表面光强分布,在前向仿真过程中数字鼠模型被离散为包括 14874 个节点和 82263 个四面体的细密有限元网格。而在重建过程中,数字鼠模型被简化为包含 3167 个节点数和 16553 个四面体的较为稀疏的有限元网格。

图 3 分别为密度比为 1:1 和 1:2 的两组双光源实验的数字鼠模型、前向网格及仿真得到的表面光强分布。图 4 为 3 种算法在不同双光源设置下的重建结果。表 3 和表 4 分别为 3 种算法得到的定量重

建结果。

从图 4 可以看出 PHTPA 重建光源分布比 IRW- $L_{1/2}$ 、HTA 更接近真实光源的位置。从表 3 和表 4 的数据也可以看出在两种光源设置下, PHTPA 比 IRW- $L_{1/2}$  和 HTA 的中心定位误差更小。总体上, PHTPA 和 HTA 对光源密度比并不敏感,在两种光源设置下得到了近似的重建结果,而 IRW- $L_{1/2}$  在密度比为 1:2 的双光源实验中,所得定位误差明显大于密度比为 1:1 时的结果。

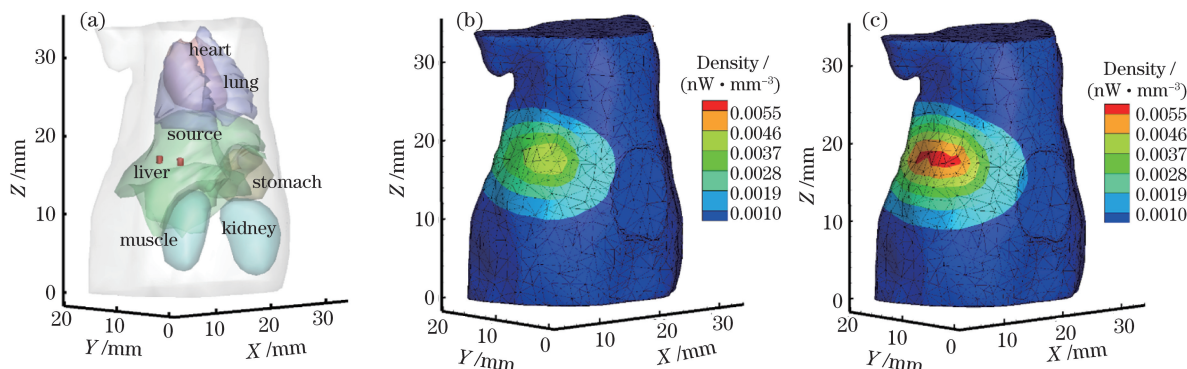


图 3 双光源仿真实验。(a) 包含光源的数字鼠模型;(b) 密度比为 1:1 时的表面光强分布;

(c) 密度比为 1:2 时的表面光强分布

Fig. 3 Simulation experiments with double-light source. (a) Digital mouse model containing source; (b) surface intensity distribution when the density ratio is 1:1; (c) surface intensity distribution when density ratio is 1:2

表 3 密度比为 1:1 时的双光源重建结果

Table 3 Reconstruction results in the double-source case when density ratio is 1:1

Method	Target	Reconstruction position center /mm	$E_{LE}$ /mm
PHTPA	source 1	(11.60, 7.73, 18.51)	1.58
	source 2	(12.24, 11.75, 16.33)	0.75
HTA	source 1	(10.79, 8.02, 18.27)	1.74
	source 2	(12.21, 11.76, 16.31)	0.75
IRW- $L_{1/2}$	source 1	(12.61, 9.22, 17.01)	1.37
	source 2	(12.14, 10.74, 16.37)	1.40

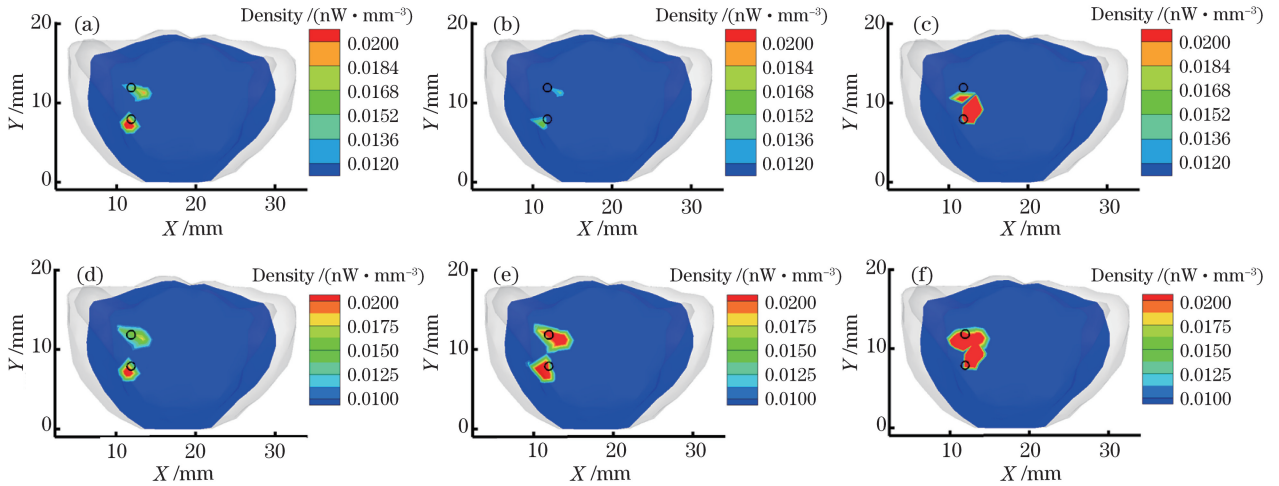


图 4 在双光源实验中,3 种算法的重建结果在真实光源中心  $Z=17.0$  mm 处的  $XY$  平面的截面视图。(a)~(c)密度比为 1:1 时,PHTPA、HTA、IRW- $L_{1/2}$  的重建结果;(d)~(f)密度比为 1:2 时,PHTPA、HTA、IRW- $L_{1/2}$  的重建结果。其中黑色圆圈代表真实光源

Fig. 4 Cross-sectional views of reconstruction results on the  $XY$  plane at  $Z = 17.0$  mm center of the real light source obtained by three algorithms in double-source case. (a)-(c) Reconstruction results of PHTPA, HTA, and IRW- $L_{1/2}$  when the density ratio is 1:1; (d)-(f) reconstruction results of PHTPA, HTA, and IRW- $L_{1/2}$  when the density ratio is 1:2. Black circle represents the real light source

表 4 密度为 1:2 的双光源重建结果

Table 4 Reconstruction results in the double-source case with density ratio of 1:2

Method	Target	Reconstruction position center /mm	$E_{LE}$ /mm
PHTPA	source 1	(11.60,7.73,18.52)	1.59
	source 2	(12.24,11.75,16.33)	0.75
HTA	source 1	(10.76,8.03,18.26)	1.76
	source 2	(12.21,11.76,16.31)	0.75
IRW- $L_{1/2}$	source 1	(12.57,9.09,16.86)	1.24
	source 2	(12.14,10.06,16.15)	1.60

### 3.3 收敛性分析

为便于对比改进的半阈值算法与原始 HTA 算法的收敛性,给出了单光源实验中,PHTPA 与 HTA 的定位误差随迭代次数和稀疏参数  $k$  变化的

折线图,如图 5 与图 6 所示。在实验中,定义 PHTPA 与 HTA 的中心定位误差小于 0.8 时,算法收敛。从图 5 中可以看出: $k=40$  时 PHTPA 的收敛速度与  $k=50$  时 HTA 的收敛速度相似;PHTPA

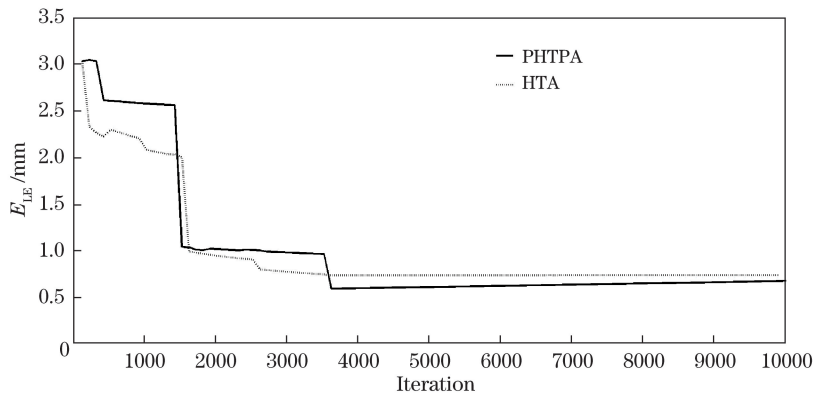


图 5 PHTPA( $k=40$ )与 HTA( $k=50$ )的收敛性比较

Fig. 5 Comparison of convergence rates of PHTPA( $k=40$ ) and HTA( $k=50$ )

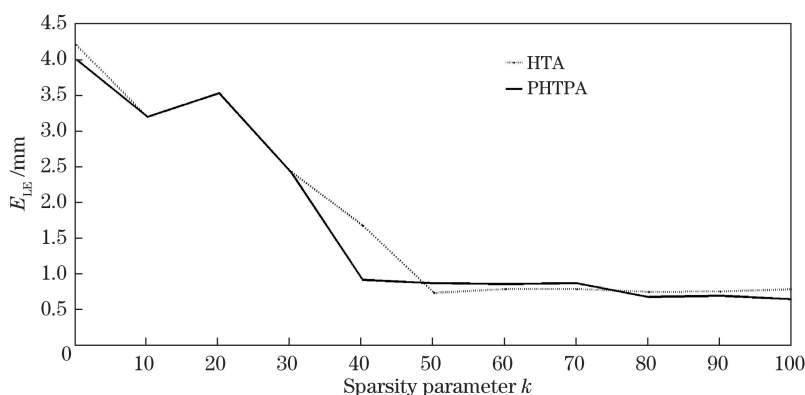


图 6 PHTPA 和 HTA 的中心定位误差随稀疏参数  $k$  的变化曲线

Fig. 6  $E_{LE}$  of PHTPA and HTA varying with sparse parameter  $k$

的中心定位误差在迭代次数为 10000 次的条件下最终稳定在 0.67 mm 附近,而 HTA 的中心定位误差在相同条件下最终稳定在 0.73 mm 附近。从图 6 中可以看出 PHTPA 的中心定位误差在  $k \geq 40$  时收敛,HTA 的中心定位误差在  $k \geq 50$  时收敛。

## 4 结 论

基于子空间跟踪和百分位阈值法提出了 PHTPA。相比原始的 HTA,PHTPA 的阈值由迭代产生的数据驱动,省略了 HTA 由正则化参数计算判断阈值的步骤。数字鼠的仿真实验表明,PHTPA 除阈值设置方便外,还能进一步提高算法的光源定位性能。与求解  $L_{1/2}$  范数正则化问题的 IRW- $L_{1/2}$  算法相比,PHTPA 没有采用多光谱测量,也没有采用迭代收缩可行区域的重建框架,获得了更优的重建结果。在下一步的研究中,如何提高重建光源的能量密度和定位准确性是需继续探讨的问题。

## 参 考 文 献

- [1] Qin C H, Feng J C, Zhu S P, *et al.* Recent advances in bioluminescence tomography: methodology and system as well as application[J]. *Laser & Photonics Reviews*, 2014, 8(1): 94-114.
- [2] Yu J J, Zhang B, Iordachita I I, *et al.* Systematic study of target localization for bioluminescence tomography guided radiation therapy[J]. *Medical Physics*, 2016, 43(5): 2619-2629.
- [3] Yu J J, Tian J, Wang H Y, *et al.* Bioluminescence tomography based on iterative support detection[J]. *Acta Optica Sinica*, 2017, 37(7): 0711004.  
余景景, 田晶, 王海玉, 等. 基于迭代支撑检测的生物发光断层成像[J]. *光学学报*, 2017, 37(7): 0711004.
- [4] Cong W X, Wang G, Kumar D, *et al.* Practical reconstruction method for bioluminescence tomography [J]. *Optics Express*, 2005, 13(18): 6756-6771.
- [5] Yu J J, Liu F, He X W, *et al.* Adaptive parameter selection for Tikhonov regularization in Bioluminescence tomography[C]//2010 3rd International Conference on Biomedical Engineering and Informatics, October 16-18, 2010, Yantai, China. New York: IEEE, 2010: 86-90.
- [6] Yu J J, Liu F, Wu J, *et al.* Fast source reconstruction for bioluminescence tomography based on sparse regularization[J]. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 2010, 57(10): 2583-2586.
- [7] 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]. *Optics Express*, 2010, 18(24): 24825-24841.
- [8] Jin C, Guo H B, Hou Y Q, *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.
- [9] Chen X L, Yang D F, Zhang Q T, *et al.*  $L_{1/2}$  regularization based numerical method for effective reconstruction of bioluminescence tomography[J]. *Journal of Applied Physics*, 2014, 115(18): 184702.
- [10] Xu Z B, Guo H L, Wang Y, *et al.* Representative of  $L_{1/2}$  regularization among  $L_q$  ( $0 < q \leq 1$ ) regularizations: an experimental study based on phase diagram [J]. *Acta Automatica Sinica*, 2012, 38(7): 1225-1228.
- [11] Yu J J, Li Q Y, Wang H Y. Source reconstruction for bioluminescence tomography via  $L_{1/2}$  regularization [J]. *Journal of Innovative Optical Health Sciences*, 2018, 11(2): 1750014.

- [12] Daubechies I, DeVore R, Fornasier M, *et al.* Iteratively reweighted least squares minimization for sparse recovery[J]. Communications on Pure and Applied Mathematics, 2010, 63(1): 1-38.
- [13] Xu Z B, Chang X Y, Xu F M, *et al.*  $L_{1/2}$  regularization: a thresholding representation theory and a fast solver[J]. IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems, 2012, 23 (7): 1013-1027.
- [14] Zhu D W, Zhao Y, Baikejiang R, *et al.* Comparison of regularization methods in fluorescence molecular tomography[J]. Photonics, 2014, 1(2): 95-109.
- [15] Chen Y K, Chen K L, Shi P D, *et al.* Irregular seismic data reconstruction using a percentile-half-thresholding algorithm[J]. Journal of Geophysics and Engineering, 2014, 11(6): 065001.
- [16] Liang Y, Liu C, Luan X Z, *et al.* Sparse logistic regression with a  $L_{1/2}$  penalty for gene selection in cancer classification[J]. BMC Bioinformatics, 2013, 14: 198.
- [17] Dai W, Milenkovic O. Subspace pursuit for compressive sensing signal reconstruction[J]. IEEE Transactions on Information Theory, 2009, 55(5): 2230-2249.
- [18] Ma Y, Zhang Z J, Chen W, *et al.* An micro-motion target imaging algorithm based on compressed sensing theory[J]. Journal of Projectiles, Rockets, Missiles and Guidance, 2015, 35(3): 170-174.  
马赢, 张智军, 陈稳, 等. 基于压缩感知理论的微动目标成像算法[J]. 弹箭与制导学报, 2015, 35(3): 170-174.
- [19] Zhu Y W, Zhao Y J, Sun B. A modified sparsity adaptive matching pursuit algorithm[J]. Signal Processing, 2012, 28(1): 80-86.  
朱延万, 赵拥军, 孙兵. 一种改进的稀疏度自适应匹配追踪算法[J]. 信号处理, 2012, 28(1): 80-86.
- [20] He X L, Yu J J, Wang X D, *et al.* Half thresholding pursuit algorithm for fluorescence molecular tomography[J]. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 2019, 66(5): 1468-1476.
- [21] Dogdas B, Stout D, Chatziioannou A F, *et al.* Digimouse: a 3D whole body mouse atlas from CT and cryosection data[J]. Physics in Medicine & Biology, 2007, 52(3): 577-587.