

分类号 \_\_\_\_\_

密级 \_\_\_\_\_

UDC<sup>注 1</sup> \_\_\_\_\_



南京理工大学  
NANJING UNIVERSITY OF SCIENCE & TECHNOLOGY

# 博士 学位 论 文

## 基于压缩感知的动态 MR 图像和 MRF 的重建模型与快速算法

(题名和副题名)

王冬

(作者姓名)

指导教师姓名 \_\_\_\_\_ 杨孝平 教授

学 位 类 别 \_\_\_\_\_ 工学博士

学 科 名 称 \_\_\_\_\_ 控制科学与工程

研 究 方 向 \_\_\_\_\_ 图像处理的数学建模、理论和算法

论文提交日期 \_\_\_\_\_ 2019.06

注 1: 注明《国际十进分类法 UDC》的类号

南  
京  
理  
工  
大  
学  
学  
位  
论  
文  
模  
板

南  
京  
理  
工  
大  
学

博士 学位 论文

基于压缩感知的动态 MR 图像与 MRF 的重建模型与快速算法

作 者：王冬

指导教师：杨孝平 教授

南京理工大学

2019 年 06 月



Ph.D. Dissertation

**Compressed Sensing based dynamic MR  
images and MRF reconstruction model  
and fast algorithm**

*By*

***Dong Wang***

*Supervised by Prof. Xiaoping Yang*

Nanjing University of Science & Technology

June, 2019



## 声 明

本学位论文是我在导师的指导下取得的研究成果, 尽我所知, 在本学位论文中, 除了加以标注和致谢的部分外, 不包含其他人已经发表或公布过的研究成果, 也不包含我为获得任何教育机构的学位或学历而使用过的材料。与我一同工作的同事对本学位论文做出的贡献均已在论文中作了明确的说明。

研究生签名: \_\_\_\_\_ 年   月   日

## 学位论文使用授权说明

南京理工大学有权保存本学位论文的电子和纸质文档, 可以借阅或上网公布本学位论文的部分或全部内容, 可以向有关部门或机构送交并授权其保存、借阅或上网公布本学位论文的部分或全部内容。对于保密论文, 按保密的有关规定和程序处理。

研究生签名: \_\_\_\_\_ 年   月   日



## 摘要

压缩感知 (Compressed Sensing) 是近十年来图像处理领域的研究热点之一。作为一种新兴的采样理论, 压缩感知可以突破传统 Nyquist 采样定理的瓶颈, 用远少于 Nyquist 采样所需的数据精确地重建出图像。压缩感知理论有三个主要的部分, 即图像稀疏性、随机下采样和非线性重建算法。具体来说, 压缩感知是在假设图像在某个变换域稀疏的前提下, 对图像进行随机下采样, 利用非线性算法进行图像重建。因此, 压缩感知可以加快成像速度, 减少存储压力。自从压缩感知理论诞生以来, 就被广泛应用于医学成像领域, 尤其是 MRI (Magnetic Resonance Imaging, 核磁共振成像) 中。由于 MR 的成像速度受到物理和生理的限制, 成像速度在很多 MRI 应用中变得很重要。压缩感知可以加快 MR 成像速度, 提高图像的时间分辨率和空间分辨率。对于 MR 图像的压缩感知模型而言, 早期最常用到的稀疏项有小波 (Wavelet) 和全变分 (Total Variation, TV)。但由于有界变差 (Bounded Variation, BV) 空间刻画了分片常数的函数, 导致重建的图像往往伴随阶梯效应。此外, 对于动态核磁共振图像 (Dynamic MRI, dMRI) 而言, 时间分辨率往往和空间分辨率同样重要, 因此如何选择合适的稀疏项, 提高图像的时空分辨率一直是一个具有挑战的问题。

传统磁共振成像中图像的像素值是测量得到的信号强度, 而这种信号强度的影响因素非常多, 无法进行量化分析和比较。因此, 传统的 MRI 也被成为定性磁共振成像。基于这种图像的诊断主要依靠医生的主观认识, 缺乏客观的定量指标。而定量磁共振成像技术是利用某些特殊的序列, 测量组织参数的成像技术, 如横向弛豫时间 ( $T_1$ )、纵向弛豫时间 ( $T_2$ )、质子密度等。其中磁共振动态对比增强 (Dynamic Contrast Enhanced MRI, DCE-MRI) 是近些年来定量成像的研究热点, 其通过获取注入对比剂前后的图像, 经过一系列的计算分析, 得到定量或半定量的参数, 用于指导临床诊断。因此在临幊上, 医生更关心 DCE-MRI 定量分析的准确性, 尤其是病灶区域的准确性, 而不是传统 MR 重建所使用的增强信噪比 (Signal Enhancement Ratio, SER)。

磁共振指纹 (Magnetic Resonance Fingerprinting, MRF) 是定量磁共振成像的新方法, 可以在单次数据采集中同时获得多种组织参数。磁共振指纹主要分为三个部分, 即预定义字典生成、信号采集和模式识别。具体来说, 给定某个 MR 序列, 先用已有的 MR 成像的数学模型模拟生成一个包含不同组织参数的信号随时间演化的字典, 再选择某个模式识别算法将采集得到的信号与字典进行匹配, 从而重建出组织参数图像。由于信号的长度一般在 1000 以上, 字典中的原子个数也经常达到 100000 以上, 字典生成与匹配的所消耗的时间通常达到几十分钟甚至几小时。因此, 如何快速并且精确地生成字典并且进行字典匹配是一个亟待解决的问题。

针对以上问题, 本文研究的工作以及创新点主要有以下 3 个方面:

1. 针对动态 MR 图像, 利用压缩感知和图像分解的思想, 提出了基于二阶时空 TGV 和核范数的重建模型。模型将图像分解为低秩部分和稀疏部分, 其中低秩部分用核范数约束, 稀疏部分用二阶时空 TGV 约束。核范数用来建模动态图像中时间方向高度相关的背景部分, 并且可以很好地去除空间伪影; 而 TGV 泛函用来表示图像中的光滑部分, 可以在保证重建图像边界清晰的同时减少重建图像中的阶梯效应。文章利用主对偶算法来求解模型, 并给出了保证算法收敛的范数估计。为了减少算法的计算时间, 文章也利用了图形处理单元 (Graphics Processing Unit, GPU) 来加速 MRTLAB 程序。文章针对体模、心脏灌注与胸部 DCE-MRI 图像, 对比了四种最前沿的针对动态 MR 重建模型在不同采样模式和不同采样率下的表现。实验结果表明, 相对于其他四个模型, 我们提出的模型在不同采样模式和不同采样率下, 可以更好地消除空间伪影并且保证图像边缘的清晰, 对于胸部 DCE-MRI 图像尤其显著。

2. 针对胸部 DCE-MRI 图像, 比较了 5 种不同的时间方向的稀疏项, 并对重建结果进行了定量分析。这 5 种稀疏项分别为傅里叶变换 (Fourier Transform)、希尔小波变换 (Haar Wavelet Transform)、TV、二阶 TGV (Total Generalized Variation) 和核范数 (Nuclear Norm)。所有模型都使用 FISTA (Fast Iterative Shrinkage Threshold Algorithm) 快速算法进行求解。实验结果表明, 核范数可以得到最高的信噪比, 而 TV/二阶 TGV 可以得到最精确地定量分析。因此, 对于胸部 DCE-MRI, 选择 TV/二阶 TGV 作为稀疏项可以更好地重建病灶部分, 而选择核范数则可以整体提高图像的信噪比。

3. 针对 MRF 重建参数图的过程中字典生成与匹配速度慢的问题, 利用图形处理单元 (Graphics Processing Unit, GPU) 进行 MRF 字典的生成与匹配, 并开发了一款开源软件 snapMRF。软件基于 NVIDIA 公司的底层框架 CUDA (Compute Unified Device Architecture), 使用 C 语言编写。snapMRF 可以快速并准确地重建参数图, 并且适用于不同的 MR 序列。相比于其他 MRF 开源软件, 如 EPG-X (基于 CPU 的 MATLAB 语言编写) 和 pnp-mrf (基于 CPU 的 C 语言编写), snapMRF 的字典生成速度提高了  $10\text{-}1000\times$ , 字典匹配速度提高了  $10\text{-}100\times$ 。对于较小的字典, 可以达到实时的效果。另外, 软件也给出了 7 种经典 MR 序列的单元测试, 保证对于不同输入的 MR 序列, 字典生成与匹配的正确性。

**关键词:** 压缩感知, 全变分, TGV, 图像分解, 稀疏, 低秩, 磁共振成像, 磁共振动态对比增强, 磁共振指纹成像, 图形处理单元

## Abstract

Compressed sensing has been a hot topic for the last decade in image processing. As the state-of-art sampling theory, compressed sensing breaks through the bottleneck of traditional Nyquist sampling theorem and is able to accurately reconstruct the image using only a small number of sampling values-much smaller than Nyquist sampling theorem. Compressed sensing has three main components, which are sparse representation, random undersampling and nonlinear reconstruction algorithm, respectively. Specifically, given that the image is sparse in a certain transform domain, compressed sensing demonstrates that it is possible to reconstruct the image through a small number of random linear measures using a nonlinear reconstruction algorithm. Therefore compressed sensing has the potential to accelerate imaging speed as well as decrease storage burden, and has been widely used in medical imaging, especially in MRI (Magnetic Resonance Imaging). As the speed of MRI is fundamentally limited by physical and physiological constraints, imaging speed is rather important in many MRI applications. Compressed sensing can accelerate the whole procedure of MRI and improve both spatial and temporal resolutions. For compressed sensing based MRI models, the most commonly used sparse representations are Wavelet and Total Variation (TV). However, as Bounded Variation (BV) space depicts piecewise constant functions, the images reconstructed using TV regularizer are often corrupted with the so-called staircase effects. Besides, in Dynamic MRI (dMRI), temporal resolution is often more important than spatial resolution. Therefore, how to select a proper sparse representation for compressed sensing base dMRI model has always been a challenging problem.

For traditional MRI, the pixel values are the measured signal intensity, which are usually affected by lots of factors and can not be quantitatively analyzed and compared. Thus, traditional MRI, such as  $T_1$ -weighted images and  $T_2$ -weighted images, are also called qualitative MRI. The diagnosis based on such images mainly depends on doctors' subjective understanding and thus lacks objective standards. Quantitatively MRI, however, is the technology of measuring tissue parameters, such as  $T_1$ ,  $T_2$  and proton density, using certain MR sequences. DCE-MRI (Dynamic Contrast Enhanced MRI) has been a hot research area these years, which can guide the clinical diagnosis and provide semi-quantitative or quantitative parameters by acquiring and analyzing the images before and after the injection of contrast agent (CA). Therefore in practice, doctors are more concerned about the accuracy of quantitative parameters, especially in the tumor area,

rather than the signal enhancement ratio (SER), which is commonly used in traditional MRI.

Magnetic resonance fingerprinting (MRF) is the state-of-art quantitative imaging technique, which is able to achieve multiple tissue parameters in a single data acquisition. MRF consists of three main parts, which are the generation of pre-defined dictionary, signal acquisition and pattern recognition respectively. More specifically, given a certain MR sequence, a dictionary of simulated signal time courses is first generated for anticipated combinations of tissue properties using an appropriate signal model, and then pattern recognition is used to match each voxel in the acquisition (also called fingerprinting) to the dictionary to reconstruct the final parameter maps. As the signal length is often longer than 1000, and the number of atoms in the dictionary is often over 100,000, it usually takes minutes or even hours to generate dictionaries and perform matching. Therefore, how to fast and accurately generate dictionaries and perform matching is an urging problem.

Based on the above problems, the main work and innovation of the thesis can be listed as follows:

1. For dynamic MR images, we propose a novel decomposition based model exploiting spatio-temporal  $TGV_{\alpha}^2$  and the nuclear norm for compressed sensing dynamic MR reconstruction. The nuclear norm can model time-coherent background and perform well in removing spatial artifacts, and the TGV functional represents the smooth part well and can preserve the edges as well as reduce staircase effects. We first employ the Primal-Dual algorithm to solve the proposed model and then give the norm estimation for the convergence condition. We also implement the proposed model using GPU in CUDA C to accelerate the MATLAB code. Numerical experiments on PINCAT, cardiac perfusion and breast DCE-MRI datasets indicate that the proposed model outperforms the-state-of-art methods in both suppressing the spatial artifacts and preserving the edges under different acceleration factors and different sampling schemes, especially for breast DCE-MRI datasets.

2. For DCE-MRI of the breast, we compare five different sparse regularizers in the temporal direction and perform quantitative analysis. The five temporal regularizers are Fourier transform, Haar Wavelet transform, Total Variation, Second Order TGV (Total Generalized Variation) and nuclear norm respectively. All the models are solved using FISTA (Fast Iterative Shrinkage Thresholding Algorithm). Experiment results demonstrate that nuclear norm provides the highest SER while TV/TGV bring the most accurate parameter analysis. Therefore we recommend using TV/TGV as the temporal constraint in compressed sensing reconstructions of breast DCE-MRI.

3. Due to the long running time in MRF, we propose to use GPU (Graphics Processing Unit) to accelerate both dictionary generation and matching, and release an open software called snapMRF. snapMRF is based on the framework CUDA (Compute Unified Device Architecture) of NVIDIA and written in C language. snapMRF can accurately reconstruct parameter maps fast and apply to different MR sequences. Compared with other online MRF softwares, such as EPG-X (based on MATLAB, CPU) and pnp-mrf (based on C, CPU), snapMRF accelerates dictionary generation by  $10\text{--}1000\times$  and matching by  $10\text{--}100\times$ . For dictionaries with small size, snapMRF can perform in a real-time manner. Besides, snapMRF provides the unit tests of 7 classic MR sequences, ensuring the correctness of dictionary generation and matching.

**Keywords:** Compressed sensing, DCE-MRI, TGV, low rank, decomposition, primal-dual, FISTA, MRF, GPU, CUDA



# 目录

<b>摘要</b> .....	<b>I</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>III</b>
<b>目录</b> .....	<b>IX</b>
<b>1 绪论</b> .....	<b>1</b>
1.1 研究背景和意义 .....	1
1.2 压缩感知基本理论 .....	3
1.2.1 稀疏性 .....	3
1.2.2 采样矩阵 .....	4
1.2.3 非线性重建算法 .....	4
1.2.4 本节小结 .....	5
1.3 压缩感知 MRI .....	5
1.3.1 MR 图像的稀疏性 .....	6
1.3.2 非相干下采样 .....	6
1.3.3 常见的重建模型 .....	6
1.3.4 动态 MRI 的压缩感知模型 .....	9
1.3.5 本节小结 .....	11
1.4 磁共振指纹研究现状 .....	11
1.4.1 信号获取 .....	12
1.4.2 字典生成 .....	14
1.4.3 参数图重建 .....	15
1.4.4 本节小结 .....	16
1.5 本文的主要研究内容和章节安排 .....	16
<b>2 MR 成像预备知识</b> .....	<b>19</b>
2.1 MR 成像原理 .....	19
2.1.1 物理原理与数学建模 .....	19
2.1.2 图像重建 .....	21
2.1.3 采样轨迹 .....	21
2.1.4 MR 序列 .....	22
2.1.5 本节小结 .....	22

2.2 扩展相图 . . . . .	24
2.2.1 配置状态矩阵 . . . . .	24
2.2.2 分区状态方法 . . . . .	25
2.2.3 其他因素的作用 . . . . .	26
2.2.4 最终模型 . . . . .	27
2.2.5 本节小结 . . . . .	27
2.3 本章总结 . . . . .	27
<b>3 动态 MRI 图像的低秩和稀疏分解模型 . . . . .</b>	<b>29</b>
3.1 模型的提出 . . . . .	29
3.1.1 L&S 模型 . . . . .	29
3.1.2 L+S 模型 . . . . .	30
3.2 TGV+NN 的 Primal-Dual 算法 . . . . .	32
3.3 实验方法 . . . . .	34
3.3.1 对比的模型 . . . . .	34
3.3.2 实验数据 . . . . .	35
3.3.3 采样模式 . . . . .	35
3.3.4 程序运行 . . . . .	35
3.4 实验结果与分析 . . . . .	36
3.5 本章小结 . . . . .	45
<b>4 胸部 DCE-MRI 压缩感知模型中时间稀疏项的量化评估 . . . . .</b>	<b>47</b>
4.1 图像重建模型 . . . . .	48
4.1.1 傅里叶变换的 $l_1$ 范数 . . . . .	48
4.1.2 希尔小波变换的 $l_1$ 范数 . . . . .	48
4.1.3 全变差 . . . . .	49
4.1.4 二阶 TGV . . . . .	49
4.1.5 核范数 . . . . .	50
4.2 图像重建算法 . . . . .	50
4.2.1 FISTA . . . . .	50
4.2.2 模型参数选择 . . . . .	51
4.3 实验方法 . . . . .	52
4.3.1 数据采集 . . . . .	52
4.3.2 下采样方法 . . . . .	52
4.3.3 评估方法 . . . . .	53
4.3.4 程序运行 . . . . .	53
4.4 实验结果 . . . . .	54

4.4.1 图像质量 . . . . .	54
4.4.2 参数精度 . . . . .	54
4.5 实验分析 . . . . .	61
4.6 本章小结 . . . . .	61
<b>5 基于 GPU 的实时磁共振指纹的字典生成和匹配 . . . . .</b>	<b>63</b>
5.1 MRF 的主要问题 . . . . .	63
5.2 snapMRF 代码结构 . . . . .	65
5.3 GPU 核功能 . . . . .	66
5.4 单元测试 . . . . .	67
5.4.1 自旋回波 . . . . .	67
5.4.2 饱和恢复序列 . . . . .	67
5.4.3 无驰豫快速自旋回波 . . . . .	68
5.4.4 有驰豫快速自旋回波 . . . . .	68
5.4.5 快速梯度回波 . . . . .	68
5.4.6 Bloch 方程 . . . . .	68
5.4.7 EPG 模型 . . . . .	68
5.4.8 字典自匹配 . . . . .	68
5.5 实验方法 . . . . .	68
5.5.1 运行时间 . . . . .	69
5.5.2 参数精度 . . . . .	69
5.5.3 图像质量 . . . . .	70
5.5.4 程序软件 . . . . .	70
5.6 实验结果 . . . . .	70
5.6.1 运行时间 . . . . .	70
5.6.2 参数精度 . . . . .	70
5.6.3 图像质量 . . . . .	72
5.7 实验分析 . . . . .	77
5.8 本章小结 . . . . .	77
<b>6 总结与展望 . . . . .</b>	<b>79</b>
6.1 本文工作的总结 . . . . .	79
6.2 下一步一些展望 . . . . .	79
<b>致谢 . . . . .</b>	<b>81</b>
<b>附录 . . . . .</b>	<b>93</b>



# 1 绪论

## 1.1 研究背景和意义

磁共振成像 (Magnetic Resonance Imaging, MRI) 是目前临幊上常用的成像方式, 如图1.1。MRI 利用核磁共振现象来实现高对比度成像。它可以非侵入式地获取人体内部组织的图像, 广泛地应用于指导病灶检测、诊断与治疗。MR 成像通常被建模为二维或三维空间的傅里叶编码, 即 MR 成像的过程需要从图像的 Fourier 变换域 (通常称为 k-space) 中采样。为了使得图像能准确重建出来, 其采样率需要达到 Nyquist 采样定理的要求。所以, MRI 尤其是动态磁共振 (Dynamic MRI) 和 3 维 MRI 通常成像速度慢, 成像时间长, 这对成像设备和病人都都是很大的负担。因此, 如何提高 MR 的成像速度一直是研究人员关心的问题。



图 1.1 MR 成像设备

加速 MR 成像通常的想法是通过获取部分 k-space 数据, 即通过对图像的下采样数据进行成像, 从而达到加速成像的效果。但是当下采样时, 通过简单的傅里叶重建的图像 (通常被称为 zero-filled 图像) 通常会出现伪影, 而消除伪影主要有以下三个策略。第一种策略是通过改变采样方式使得生成的伪影与图像非相干或者在视觉上不明显<sup>[1-3]</sup>, 但这些方法所得到的重建图像通常信噪比低。第二种策略是利用 k-space 中数据的冗余性, 比如部分傅里叶成像<sup>[4]</sup>(partial-Fourier) 和平行成像 (Parallel Imaging, PI)。

PI 是目前在临幊上应用比较成功的一大类加速方法，它一种以空间换时间的策略。具体来说，PI 通过多个成像线圈接收信号，而每个线圈都在 k-space 进行下采样，最后通过算法将所有线圈接收到的数据还原出来。经典的 PI 方法有 SENSE (SENsitivity Encoding)<sup>[5]</sup>，SMASH (SiMultaneous Acquisition of Spatial Harmonics)<sup>[6]</sup>，GRAPPA (Generalized Autocalibrating Partially Parallel Acquisitions)<sup>[7]</sup> 等。第三种策略是利用图像在空间域或者时间域上的冗余性，如 UNFOLD<sup>[8]</sup> 和 k-t BLAST<sup>[9]</sup> 等。

2005 年，Tao、Candes 和 Donoho 等人提出了压缩感知 (Compressed Sensing) 理论<sup>[10,11]</sup>。压缩感知是一种新的采样理论，可以加速信号的采集与重建。根据传统 Nyquist 采样定理<sup>[12]</sup>，当采样率达到信号最高频率两倍以上的时，信号才可以被精确地重建出来。我们称满足 Nyquist 采用定理的采样方式成为全采样。当对信号进行均匀下采样时，采集到的信号会出现相干伪影，使用传统的重建方法很难将其去除。而压缩感知理论突破了 Nyquist 定理对高采样率要求的限制，可以用很少的数据来精确地重建信号。压缩感知理论有三个主要部分，分别为稀疏性、非相干下采样和非线性重建算法。具体来说，首先假设信号在某个变换域稀疏，对信号进行非相干下采样，然后通过非线性重建算法即可以高概率地将信号重建出来。因此，压缩感知理论自诞生以来就被应用在 MR 成像中，我们将在1.2小节介绍基于压缩感知的 MR 成像的研究现状。

传统 MR 图像中的像素值大小反映了成像过程中信号强度的大小，而能够影响信号强的大小的因素有很多，如组织的弛豫时间  $T_1$ 、 $T_2$ 、质子密度 (Proton Density) 等，它们也是 MR 图像中对比度的主要来源。在临幊中，我们经常用到的  $T_1$  加权和  $T_2$  加权图像的对比度就分别主要来源于  $T_1$  和  $T_2$  的大小。但是这种图像只是反映了  $T_1$  和  $T_2$  大小，并不是参数本身。所以这种 MR 图像也一般被成为定性 (Qualitative)MR 图像。通过定性 MR 图像进行的诊断主要依靠医生的主观认识，缺乏定量指标。而定量 MRI(Quantitative MRI, qMRI) 不仅能够提供组织的基本结构，也能获得组织的定量参数。定量 MRI 在临幊中有着广泛的应用，是 MRI 研究的前沿。qMRI 可以减少主观性，从客观定量的角度研究人体组织，达到帮助诊断与评估治疗的作用。其中磁共振动态造影增强 (Dynamic Contrast Enhanced MRI, DCE-MRI) 是 qMRI 的研究热门，被成功应用在胸部肿瘤定量分析以及脑灌注成像中。DCE-MRI 是通过注入对比剂引起的信号改变以评估组织灌注以及为血管通透性，常见的量化参数有体积转移常数 ( $K^{trans}$ ) 和血管外细胞体积分数 ( $v_e$ ) 等。因此评价 DCE-MRI 重建不仅需要考虑图像的信噪比，更要考虑参数分析的准确性。我们将在第4来说明这一点。

2013 年，Ma 等提出了一种新的定量 MRI 的方法，即磁共振指纹 (Magnetic Resonance Fingerprinting)<sup>[13]</sup>。传统的 qMRI 方法进行参数分析的速度较慢，并且一次只能获得一个组织参数，一些加速的方法通常会产生误差。而 MRF 可以同时快速获得多个组织参数，并且重建的参数图有很高的信噪比。MRF 主要包括预定义字典的生成、信号采集和模式识别三个部分。具体来说，给定一个 MR 序列，我们首先使用数学模型生成一个包含不同组织参数的体素在该 MR 序列中的演化过程的字典，然后将采集到的

信号与字典进行匹配，从而获得该体素的组织参数。由于信号的时间点通常在 1000 以上，而且字典的大小通常达到 100000，字典的生成和匹配通常很耗时。因此如何加速 MRF 字典生成和匹配，增强重建参数图的信噪比一直是研究人员关心的问题。我们将在1.4介绍 MRF 的研究现状。

## 1.2 压缩感知基本理论

我们首先介绍压缩感知的基本理论和基本模型。压缩感知理论是 Candes, Tao 和 Donoho 等人于 2005 年提出的采样理论。压缩感知理论表明可以用远少于 Nyquist 采样定理所需要的数据精确地重建出图像，只要测量矩阵和稀疏矩阵是非相干的。令  $A \in C^{M \times N}$  是线性测量矩阵 (或感知矩阵)， $x \in C^N$  是我们需要重建的图像，则对  $x$  采样得到  $b \in C^M$  相当于：

$$b = Ax + \epsilon, \quad (1.1)$$

其中  $\epsilon \in C^M$  为测量噪声， $M \ll N$ 。压缩感知的过程即是从  $b$  重建  $x$  的过程。由于  $M \ll N$ ，这个问题是病态的，所以我们需要对  $x$  有所约束。

### 1.2.1 稀疏性

压缩感知理论先验性假设  $x$  本身或者在某个变换域下是稀疏的。在数学上，称  $x \in C^N$  为  $K$ -稀疏的，如果

$$\|x\|_0 \leq K, \quad (1.2)$$

这里  $K < N$ ， $\|x\|_0$  为  $x$  的  $l_0$  范数，即为  $x$  中非 0 元素的个数。则压缩感知重建模型为以下约束优化问题：

$$\begin{aligned} \hat{x} &= \arg \min_x \|x\|_0, \\ s.t. \quad &\|Ax - b\|_2^2 \leq \epsilon \end{aligned} \quad (1.3)$$

但是方程1.3是非凸的，而且是 NP 难问题，直接求解的可行性不高。通常的求解方法有两大类，第一大类是贪婪算法 (Greedy Algorithm)，比如<sup>[14]</sup> 等。这一类算法不在本论文的讨论范围之内。另一大类算法是凸优化算法，这类算法的想法是找到  $l_0$  范数的图松弛。最常用的凸松弛为  $l_p$  范数，定义为：

$$\|x\|_q = \left( \sum_{n=1}^N |x_n|^q \right)^{1/q} \quad (1.4)$$

当  $0 < q < 1$  时，优化问题仍然是非凸的；而当  $q = 1$  时，优化问题是凸的，这也是压缩感知中最常用的稀疏项。此时的优化问题为：

$$\begin{aligned} \hat{x} &= \arg \min_x \|x\|_1, \\ s.t. \quad &\|Ax - b\|_2^2 \leq \epsilon \end{aligned} \quad (1.5)$$

$l_1$  优化问题也被称为基追踪 (Basic Pursuit<sup>[15]</sup>, BP)。

### 1.2.2 采样矩阵

为了保证压缩感知重建的精确性和鲁棒性，测量矩阵  $A$  需要满足特定的性质。压缩感知的理论目前给出的性质有两个，一个是等距约束性 (Restricted Isometry Property, RIP)，另一个是非相干性 (Incoherence)。

等距约束性的定义如下：

称测量矩阵  $A$  具有  $K$ -等距约束性，如果存在最小的常数  $\delta_K$  使得

$$(1 - \delta_K)\|x\|_2^2 \leq \|Ax\|_2^2 \leq (1 + \delta_K)\|x\|_2^2 \quad (1.6)$$

对所有  $K$ -稀疏信号成立。

压缩感知理论表明，当  $\delta_{2K} < \sqrt{2} - 1$  时，问题1.3和问题1.5是等价的。如果采样模式是非相干的并且采样矩阵的行数  $M \geq cK \log(N/K)$ ( $c$  为常数) 的时候，那么对于许多随机矩阵就会很大概率上满足等距约束性。

虽然等距约束性在理论上给出了测量矩阵  $A$  需要满足的条件，但是在实际应用中，等距约束性不容易计算，因此很难验证一个测量矩阵是否具有等距约束性。非相干性则给测量矩阵的验证提供了简单有效的方法。测量矩阵  $A$  的列相干性定义如下：

$$\mu(A) = \sqrt{N} \max_{i \neq j} \langle a_i, a_j \rangle, \quad (1.7)$$

其中  $a_i, a_j$  是测量矩阵  $A$  中任意不同的两列。可以看出，当  $A$  的列向量被归一化时， $\mu(A) \in [1, \sqrt{N}]$ 。

压缩感知理论表明，当测量矩阵  $A$  的列相干性接近于 1 时，压缩感知只需要  $O(K \log N)$  次测量就很大概率上可以恢复出原信号。

### 1.2.3 非线性重建算法

在实际计算中，我们一般将问题1.5转化成无约束问题求解，则模型变为：

$$\hat{x} = \arg \min_x \|Ax - b\|_2^2 + \alpha \|x\|_1 \quad (1.8)$$

其中  $\alpha$  是正则化参数。

一般情况下，我们所求的图像  $x$  本身可能并不是稀疏的，而是在某个变换域中稀疏。我们设这样的稀疏变换为  $S$ ，则压缩感知的重建问题可以表示成：

$$\hat{x} = \arg \min_x \|Ax - b\|_2^2 + \alpha \|Sx\|_1 \quad (1.9)$$

目前有很多快速算法来求解优化问题1.8，请参考文献<sup>[16]</sup>。常用的重建算法有向前向后分裂算法 (Forward-Backward Splitting<sup>[17]</sup>, FBS)，分裂 Bregman 迭代算法 (Split Bregman<sup>[18]</sup>)，交替方向法 (Alternating Directional Method of Multiplier<sup>[19]</sup>, ADMM)，Douglas-Rachford 分裂算法<sup>[20]</sup>，快速阈值收缩算法 (Fast Iterative Shrinkage Threshold

Algorithm<sup>[21]</sup>, FISTA), 主对偶算法 (Primal-Dual<sup>[22]</sup>) 等。其中 ADMM 算法最先被应用在压缩感知的重建中, 也是最早被应用于 MR 压缩感知重建的算法之一。但是由于 ADMM 算法参数多, 具体调参的过程比较繁琐。FISTA 是也是压缩感知中常用算法, 收敛速度快, 并且需要调节的参数不多。主对偶算法是最近比较热门的一阶算法, 收敛速度快, 并且算法的收敛有着严格的定理保证。这里我们给出优化问题1.8使用 FISTA 和主对偶算法的迭代流程, 分别图1.1和1.2所示。更详细的推导过程请分别见章节4和3。

表 1.1 FISTA 迭代流程

**算法 1: FISTA**


---

**初始化:**  $\tau = 1/L_f, l, u, t^1 = 1, x^0 = r^1$

**迭代:** 根据以下步骤更新参数

$$\begin{aligned}x_g &= r^k - \tau A^*(Ax - b) \\x^k &= \text{prox}_\tau(g)(x_g) \\x^k &= \text{project}(x^k, [l, u]) \\t^{k+1} &= (1 + \sqrt{1 + 4(t^k)^2})/2 \\r^{k+1} &= x^k + [(t^k - 1)/t^{k+1}] (x^k - x^{k-1})\end{aligned}$$

**直至收敛, 返回**  $x_g$ 。

---

表 1.2 主对偶算法迭代流程

**算法 2: Primal-Dual**


---

**初始化:**  $p_0, r_0, \bar{x}_0, \tau, \sigma$

**迭代:** 根据以下步骤更新参数

$$\begin{aligned}p_{k+1} &= \mathcal{P}_\alpha(p_k + \sigma \bar{x}_k) \\r_{k+1} &= [r_k + \sigma(A\bar{x}_k - b)]/(1 + \sigma) \\x_{k+1} &= x_k - \tau A^* p \\ \bar{x}_{k+1} &= 2x_{k+1} - x_k\end{aligned}$$

**直至收敛, 返回**  $x_{k+1}$ 。

---

#### 1.2.4 本节小结

在本节中, 我们简单回顾了压缩感知的数学模型和理论基础。压缩感知有三个主要部分, 分别为稀疏性、采样模式和非线性重建算法。其中稀疏性是先验信息, 采样模式保证了压缩感知重建的可行性, 而非线性重建算法决定了重建的速度与图像的精度。

### 1.3 压缩感知 MRI

MR 成像是从 Fourier 域 (也称为 k-space) 采样并重建数据的过程。压缩感知理论表明在假设图像在某个变换域稀疏的前提下, 当测量矩阵满足等距约束性或者非相干性

条件时<sup>[11]</sup>，利用非线性重建算法可以大概率将图像精确地重加出来。压缩感知和 MR 成像有着天然的契合。为了使得压缩感知理论能够应用于 MR 成像，我们首先应该为 MR 图像找到合适的稀疏表示，并且我们的下采样矩阵也需要跟 MR 的成像域，即 Fourier 域非相干。在这一节中，我们重点回顾压缩感知在 MRI 中的应用，MR 成像原理请见第2章。

### 1.3.1 MR 图像的稀疏性

Lustig<sup>[23]</sup> 通过实验证明了二维 MR 图像本身很少是稀疏的，但是其在小波变换 (Wavelet) 域或者梯度域上是稀疏的。他们也是压缩感知 MR 模型中最常用的稀疏项。对于动态 MRI 图像，比如心脏电影成像 (cardiac cine)、磁共振动态造影增强 (Dynamic Contrast Enhanced Magnetic Resonance Imaging, DCE-MRI)、功能磁共振 (functional MRI) 等，由于其在时间方向的冗余性，时间方向的稀疏变换也经常被加入到模型中。对于平行成像 (Parallel Imaging, PI)，由于其使用了多组线圈进行成像，线圈之间的冗余性和空间时间上的冗余性类似，也可以使用在压缩感知的模型中。

### 1.3.2 非相干下采样

在压缩感知 MR 重建中，下采样模式起着关键的作用，并且也受到 MR 物理方面的限制。从第2.1.1节中我们知道，MR 的采样模式是通过调整梯度场的大小和方向来实现的，因此我们希望采样轨迹是光滑的。在一般的二维 MR 成像中，采样的策略一般是只保证一个方向的自由度，即在数据读取方向 (readout) 方向上进行全采样，而在相位编码 (phase encoding) 方向上进行随机采样，以增加测量矩阵的非相干性。

图4.1展示了 4 常用的采样模式。其中图4.1(a) 是 Cartesian 采样模式，广泛地应用于临床中。由于其采样点均在 Cartesian 网格点上，重建过程十分简便。在图4.1(a) 中，k-space 的中间部分进行了全采样，而外围部分则随机选取了几条采样线。这是因为 k-space 的中心区域是 MR 图像的低频部分，保留着图像的卡通信息；而外围是 MR 图像的高频部分，保留着图像的轮廓信息和噪声。图4.1(b) 和 (c) 是两种经典的 non-Cartesian 采样模式，分别为径向采样和螺旋采样。与 Cartesian 采样模式相比，这两种采样模式非相干性更高，因此可以达到更高的采样率，但是 non-Cartesian 重建相对繁琐。图4.1(d) 是变化密度采样 (Variable Density Sampling)，其在两个方向上均为随机采样，整体的采样模式成二维高斯分布。这种采样模式可以达到最高的非相干性，在 MR 重建的数值试验中表现最好，但在实际应用中，变化密度采样几乎无法实现。

### 1.3.3 常见的重建模型

由于 MR 的数据获取在 k-space 中，则 MR 成像压缩感知模型的测量矩阵  $A$  可以写成

$$A = M\mathcal{F} \quad (1.10)$$

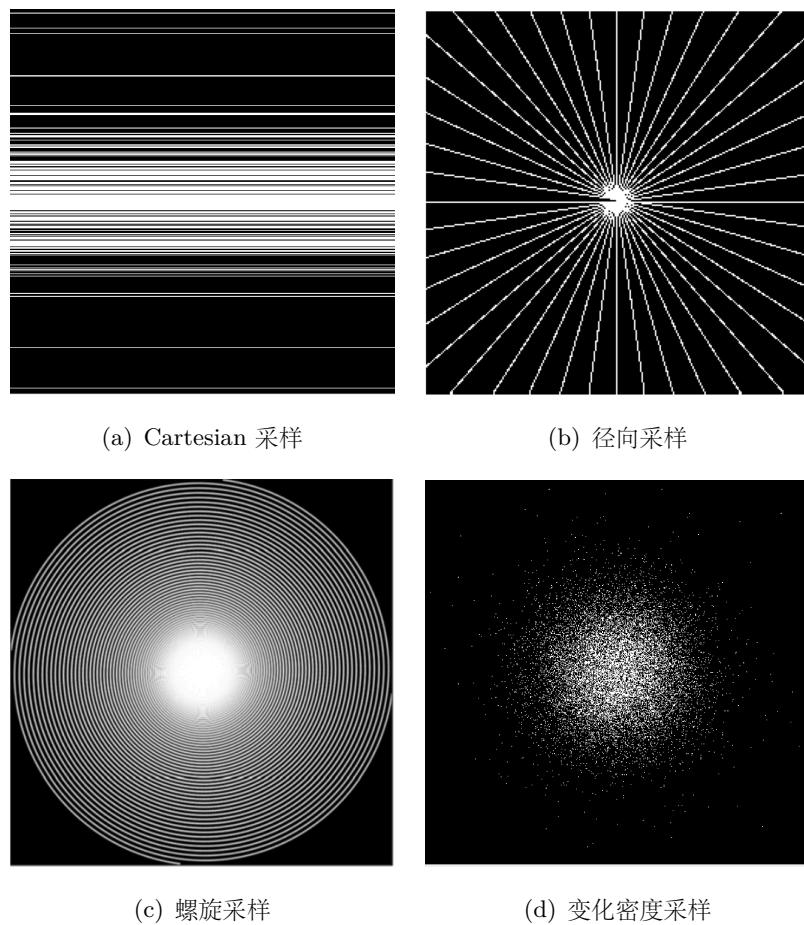


图 1.2 MRI 中常用的采样模式

其中  $\mathcal{F}$  为 Fourier 变换, M 为采样模式。于是 MR 成像的压缩感知模型为:

$$\begin{aligned}\hat{x} &= \arg \min_x \|Sx\|_1, \\ s.t. \quad &\|M\mathcal{F}x - b\|_2^2 \leq \epsilon\end{aligned}\tag{1.11}$$

目前稀疏变换  $S$  的选取方法有很多。最早将压缩感知应用 MR 成像的是 Lustig<sup>[23]</sup>。在文章中, 作者研究了适用于 MR 的稀疏表示, 讨论了不同采样模式非相干性的大小, 并提出了基于小波变换和全变分 (Total Variation, TV) 的重建模型:

$$\min_x \frac{1}{2} \|Ax - b\|_2^2 + \alpha \|Wx\|_1 + \beta \text{TV}(x)\tag{1.12}$$

其中  $W$  为小波变换矩阵,  $\text{TV}(x)$  定义为:

$$\|\cdot\|_{\text{TV}} = \sqrt{(\nabla_x \cdot)^2 + (\nabla_y \cdot)^2},\tag{1.13}$$

$\nabla_x$  和  $\nabla_y$  分别为  $x$  和  $y$  方向上的梯度算子。

Lustig 使用了伪径向采样方式, 并且使用了共轭梯度下降法 (Conjugate gradient descent) 来进行求解。由于共轭梯度法速度慢, 针对这个模型, 很多文章在重建算法上做了改进。Ma 等在 2008 年提出了一种算子分类算法 TVCMRI<sup>[24]</sup>, 2009 年 Yang 等提出了基于交替方法的重建方法 RecRF<sup>[25]</sup>。这两种方法都加快了算法的收敛速度, 提高了重建图像的信噪比。2011 年 Huang 等提出了结合算子分裂和变量分裂的算法 FCSA (Fast Composite Shrinkage Algorithm), 解决了 FISTA 只能处理一个稀疏项的瓶颈。

由于 Lustig 的模型中含有 TV 项, 重建得到的图像会产生所谓的阶梯效应。为了解决这个问题, Bredies 等提出了用高阶梯度项来刻画图像的 TGV(Total Generalized Variation), 并将其应用在 MR 压缩感知成像中。其重建模型为:

$$\min_x \frac{1}{2} \|Ax - b\|_2^2 + \text{TGV}_\alpha^2(x)\tag{1.14}$$

其中  $\text{TGV}_\alpha^2$  为二阶 TGV, 其定义为:

$$\text{TGV}_\alpha^2(x) = \arg \min_v \alpha_1 \|\nabla x - v\|_1 + \alpha_0 \|\mathcal{E}(v)\|_1\tag{1.15}$$

这里  $v$  属于离散复值向量场  $V \in C^{2mn}$ ,  $\nabla x = (\nabla_x x, \nabla_y x)$  一阶有限差分算子,  $\mathcal{E}(v) = (\nabla v + \nabla v^T)/2$  是二阶对称导数算子。关于 TGV 的详细介绍请参考第4章和第3章。模型使用主对偶算法求解。基于二阶 TGV 的压缩感知模型可以有效地抑制阶梯效应, 并且提高重建图像的信噪比。

除了常用的小波变换和梯度信息, 还有一些方法使用了结构化稀疏的概念。对于 MR 图像而言, 其稀疏性往往具有某种特殊结构, 而利用这种结构可以增加图像的稀疏性。Chen 等于 2012 年提出一个基于小波树稀疏的压缩感知模型 WaTMRI<sup>[26]</sup>:

$$\min_x \frac{1}{2} \|Ax - b\|_2^2 + \alpha \text{TV}(x) + \beta (\|Wx\|_1 + \sum_{g \in \mathcal{G}} \|Wx_g\|_2)\tag{1.16}$$

其中  $\mathcal{G}$  表示所有母子系数组的集合,  $g$  为  $\mathcal{G}$  的一个组,  $x_g$  是属于母子系数组的所有数据。利用小波树进行压缩感知重建可以消除边缘伪影。

目前我们回顾的几种模型的稀疏项都是固定的, 而另一大类方法是通过学习的方法来学习图像的稀疏表示。2011 年, Ravishankar 提出了基于字典学习的压缩感知模型 DLMRI<sup>[27]</sup>。模型如下:

$$\begin{aligned} & \min_{x, D, \Gamma} \sum \|R_{ij}x - D\alpha_{i,j}\|_2^2 + \nu\|Ax - b\|_2^2 \\ & \text{s.t. } \|\alpha_{ij}\|_0 \leq K, \forall i, j \end{aligned} \quad (1.17)$$

其中矩阵  $R_{ij}$  表示从图像  $x$  中抽取一个小块  $x_{ij}$ , 即  $x_{ij} = R_{ij}x$ ,  $D$  是待学习字典,  $\alpha_{ij}$  是小块  $x_{ij}$  相对于字典  $D$  的稀疏表示, 即  $\alpha_{ij} = Dx_{ij}$ 。模型通过交替方向法求解, 在字典学习<sup>[28]</sup> 和图像重建之前迭代, 直到收敛。利用字典学习的方式进行压缩感知的重建可以有效地学习到图像的特征, 但这种字典学习的过程中的参数较多, 比如块大小、字典大小等, 没有统一的方法进行调节。

近些年, 由于深度学习的兴起, 出现了很多利用深度神经网络进行压缩感知重建的方法。如 ADMM-NET<sup>[29]</sup>, U-NET CS<sup>[30]</sup>, Variational NET<sup>[31]</sup>, GANs CS<sup>[32]</sup> 等。这些方法借鉴了常用的深度学习网络框架进行求解, 取得了高精度的重建效果, 但深度学习的方法不在本论文的讨论范围内。

### 1.3.4 动态 MRI 的压缩感知模型

由于本文主要针对动态 MR 图像, 在这一小节我们介绍动态 MR 的压缩感知模型。

动态 MRI 在临床中应用广泛, 如 Cardiac Cine, DCE-MRI, functional MRI 等。动态 MR 数据不仅包含了组织的空间信息, 也包含了组织随时间变化的信息。为了与 2 维 MR 图像区分, 我们记动态 MR 图像为  $X \in C^{M \times N \times d}$ , 其中  $d$  为时间方向的维度。一般在处理时, 我们将  $X$  表示为一个时空矩阵, 其中时空矩阵的每一列即为动态 MR 的一帧, 如下所示:

$$X = \begin{bmatrix} X(p_1, t_1) & \cdots & X(p_1, t_d) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ X(p_{M \times N}, t_1) & \cdots & X(p_{M \times N}, t_d) \end{bmatrix}, \quad (1.18)$$

其中  $p_i, i = 1, \dots, M \times N$  为空间坐标,  $t_i, i = 1, \dots, d$  我们记为  $X \in C^{MN \times d}$ 。

于是动态 MR 压缩感知的模型为:

$$\begin{aligned} \hat{x} &= \arg \min_x \|SB\|_1, \\ &\text{s.t. } \|AX - B\|_F^2 \leq \epsilon \end{aligned} \quad (1.19)$$

这里  $F$  为矩阵的 Fobienus 范数, 并且测量得到数据  $B$  也被写成了时空矩阵的形式, 我们称之为 k-t space 数据。

最早将压缩感知应用到动态 MR 的是 Lustig<sup>[33]</sup>。文章使用了空间和时间方向的稀疏表示来进行建模，其中空间方向的稀疏性使用的是小波变换，时间方向使用了 1 维 Fourier 变换。其模型如下：

$$\min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|_F^2 + \alpha \|WX\|_1 + \beta \|F_t X\|_1 \quad (1.20)$$

其中  $F_t$  为时间方向上的 1 维 Fourier 变换。模型采用了 Cartesian 随机采样，使用共轭梯度法求解。由于 Fourier 变换具有周期性，这个模型在心脏电影成像中的重建结果很好。

2009 年，Jung 等提出了基于 k-t BLAST/SENSE 的改进算法 k-t FOCUSS<sup>[34]</sup>，其模型为：

$$\begin{aligned} & \min_X \|X\|_1 \\ & s.t. \quad \|AF_t X - B\|_F \leq \epsilon \end{aligned} \quad (1.21)$$

注意这里与一般的模型不同， $X$  属于 Fourier 域，即 x-f space。

k-t FOCUSS 主要的想法是利用残差编码和预测。具体来说，我们将  $X$  分解为预测信号  $X_0$  和残差信号  $\Delta X$ ：

$$X = X_0 + \Delta X \quad (1.22)$$

因此模型1.21变为：

$$\begin{aligned} & \min_X \|\Delta X\|_1 \\ & s.t. \quad \|AF_t X_0 + AF_t \Delta X - B\|_F \leq \epsilon \end{aligned} \quad (1.23)$$

k-t FOCUSS 的目标是预测图像  $X_0$  并且使残差图像  $\Delta X$  尽量稀疏。注意模型中只有时间方向的稀疏变化  $F_t$ ，而没有空间方向的稀疏变换。

2011 年，Lingala 等提出了基于 TV 和核范数的压缩感知重建模型 k-t SLR<sup>[35]</sup>。模型如下：

$$\min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|^2 + \alpha \|X\|_{TV} + \beta \|X\|_* \quad (1.24)$$

这里  $\|\cdot\|_*$  是矩阵的核范数，即矩阵的奇异值的和，而  $\|X\|_{TV}$  定义为：

$$\|\cdot\|_{TV} = \sqrt{(\nabla_x \cdot)^2 + (\nabla_y \cdot)^2 + (\nabla_t \cdot)^2}, \quad (1.25)$$

其中  $\nabla_x$ ,  $\nabla_y$  和  $\nabla_t$  分别为  $x$ ,  $y$  和  $t$  方向上的梯度算子。k-t SLR 是第一个使用核范数作为时间稀疏项的模型，核范数可以很好地稀疏化非周期运动。k-t SLR 采用伪径向采样，使用 ADMM 算法进行求解。模型在心脏 phantom 数据上的重建效果显著，但是重建速度慢。

2014 年 Li 等结合压缩感知、平行成像和黄金角度径向采样的想法，提出了 iGRASP<sup>[36]</sup>，模型如下：

$$\min_X \|AX - B\|_2^2 + \lambda \|\nabla_t X\|_1 \quad (1.26)$$

这里黄金角度径向采样是指时间上相邻两条径向采样线的夹角是  $111.25^{\circ}$ , 称为黄金角度。这样选择的好处是采样线可以覆盖整个 k-space 并且在时间上保证非相干性。注意同 k-t FOCUSS 一样, 模型中只含有时间方向的稀疏项。

Otazo 等于 2015 年提了基于低秩与稀疏分解来进行动态 MRI 压缩感知重建的模型 L+S<sup>[37]</sup>。矩阵分解的目标是将矩阵  $X$  分解为低秩部分  $L$  与稀疏部分  $S$ :

$$\min ||L||_* + \lambda ||S||_1 \quad s.t. \quad X = L + S \quad (1.27)$$

当低秩部分  $L$  不稀疏, 并且稀疏部分  $S$  不低秩的时候, 分解是唯一的并且问题是适定的。

将矩阵分解的想法应用在动态 MR 中, 模型变为:

$$\min ||L||_* + \lambda ||TS||_1 \quad s.t. \quad A(L + S) = B \quad (1.28)$$

其中低秩部分  $L$  建模时间上高度相关的背景, 稀疏部分  $S$  表征背景之上的动态信息,  $T$  是某个稀疏变换。将模型转换为无约束问题:

$$\min_{L,S} \frac{1}{2} ||A(L + S) - B||_2^2 + \alpha ||L||_* + \beta ||TS||_1 \quad (1.29)$$

文章中根据不同数据选择了不同的稀疏项  $T$ 。比如在心脏电影成像中,  $T$  为时间方向的 Fourier 变换  $F_t$ ; 在血管造影中,  $T$  为单位矩阵 (即没有稀疏变换); 在胸部 DCE-MRI 中,  $T$  为时间方向上的差分算子  $\nabla_t$ 。可以看出对于动态 MRI 而言, 时间上稀疏项的选择是至关重要的, 可以很大程度上决定重建结果的好坏。

### 1.3.5 本节小结

本节主要讲述了压缩感知在 MR 成像中的应用。首先讨论了 MR 图像的稀疏性和常见的采样模式, 然后回顾了压缩感知 MR 成像的经典模型。最后由于本文针对动态 MR 图像, 我们也回顾了经典的动态 MR 压缩感知模型。

## 1.4 磁共振指纹研究现状

磁共振指纹 (Magnetic Resonance Fingerprinting, MRF) 是一种新的数据获取、后处理以及可视化的框架。与传统 qMRI 一次只能测量一个参数不同, MRF 可以同时快速的量化多个组织参数, 比如  $T_1$ ,  $T_2$ , 质子密度等, 并且提高整个实验的信噪比和扫描效率。MRF 由三个主要部分组成, 分别为信号获取、预定义字典的生成和模式识别重建参数图。具体来说, 首先针对特定的问题, 选择一个合适的 MR 序列进行信号采集。然后利用 MR 成像的数学模型, 生成一个征信号演化的字典, 字典中的每一个元素模拟了不同参数的组织在该 MR 序列下的信号演化, 即包含着组织的参数信息。最后, 使用模式识别算法将采集的信号与字典进行匹配, 选择最配的元素, 其包含的参数信息即为参数图。MRF 的主要流程如图1.3所示。

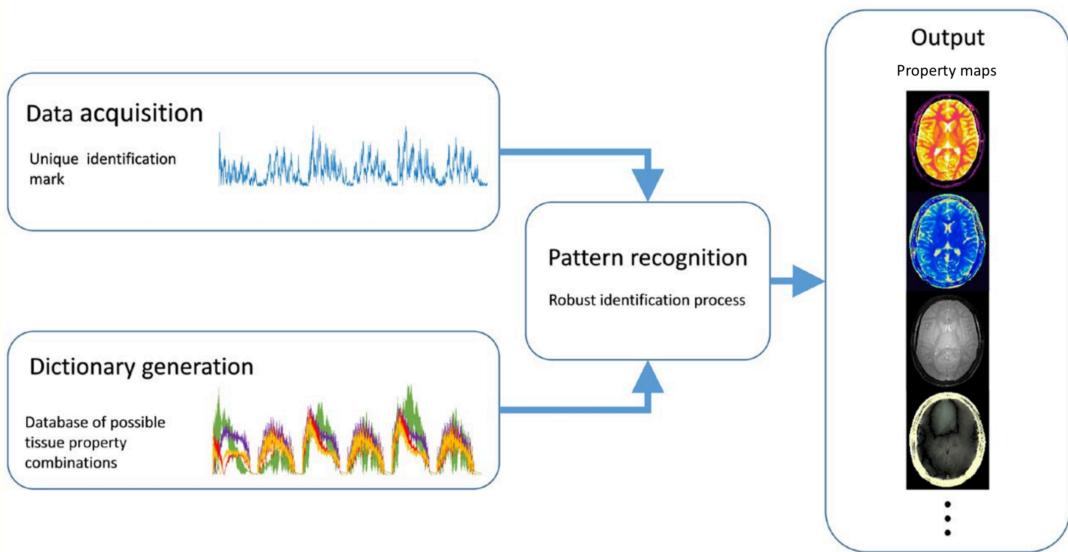


图 1.3 MRF 流程示意图

首先我们应该选取对所需参数敏感的 MR 序列对信号进行采样，并且序列的参数，如偏转角 (Flip Angle, FA)，重复时间 (Repetition Time,  $T_R$ ) 需要随着时间随机变动，使得组织在 MR 序列中产生指纹状的信号演化。其次，字典中包含着不同参数的组织在该 MR 序列中的模拟演化。最后，模式识别算法用来比较每个像素指纹和字典中元素的匹配度，重建参数图。

#### 1.4.1 信号获取

信号获取是 MRF 的第一步，需要选择合适的 MR 序列进行信号采集。关于 MR 成像以及序列请参考第2章。MR 序列的选取需要满足以下两个个方面。第一，选取的 MR 序列需要对我们所研究的参数敏感，如  $T_1$ ,  $T_2$  等。第二，在数据采集过程中，采集参数如偏转角 (Flip Angle, FA)，重复时间 (Repetition Time,  $T_R$ ) 等需要连续随机变化，并且在每次采集信号时，使用伪随机下采样。图1.4展示了偏转角随着不同  $T_R$  变化的例子。这样做的目的是使不同参数的组织在产生独特的信号演化 (我们称之为指纹)，即每个指纹中包含着不同的组织参数信息，以便在后面进行参数重建。图1.5是某一  $T_R$  时刻的 phantom 指纹图像。可以看出由于高度的下采样，图像中存在着感强烈的伪影。MRF 重建的目标即是从指纹图像中重建出参数图。

目前常用的 MRF 序列主要有两种。Ma<sup>[13]</sup> 在 MRF 的第一篇文章中使用了平衡稳态自由进动序列 (balanced Steady State Free Precession, bSSFP<sup>[38]</sup>)，因为目前对 bSSFP 序列的研究最充分。bSSFP 对  $T_1, T_2$  和  $B_0$  敏感，并且具有高信噪比、高扫描效率的性质。对于 MRF 来说，bSSFP 是一个适合的序列。另一种常用的序列为 FISP 序列，或者称作非平衡稳态自由进动序列 (unbalanced Steady State Free Precession, uSSFP)。这个序列的特点是在每个  $T_R$  结束之前，加上了一个非平衡的梯度场。Jiang<sup>[39]</sup> 等首先将 uSSFP 序列应用到了 MRF 上 uSSFP 序列有助于消除带状伪影，但是其只对  $T_1$  和  $T_2$

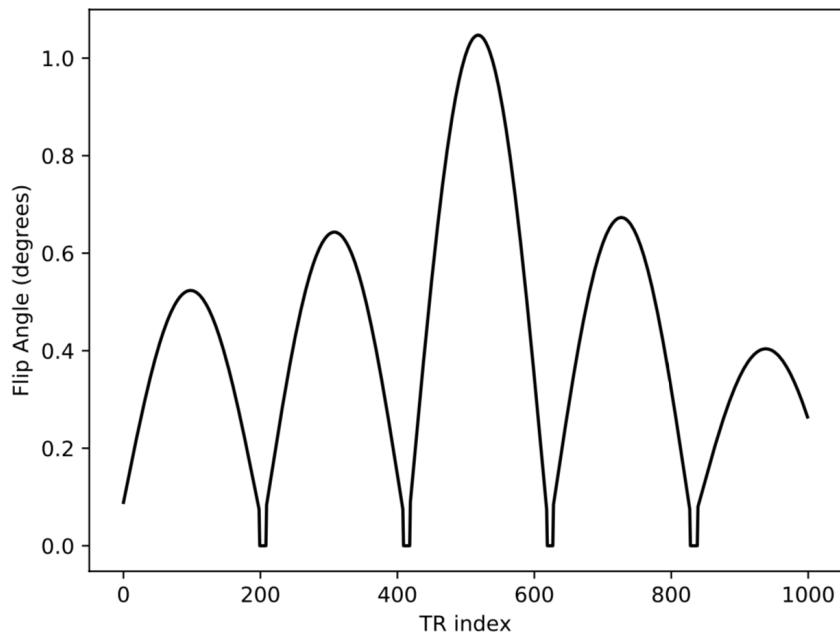


图 1.4 偏转角变化举例。

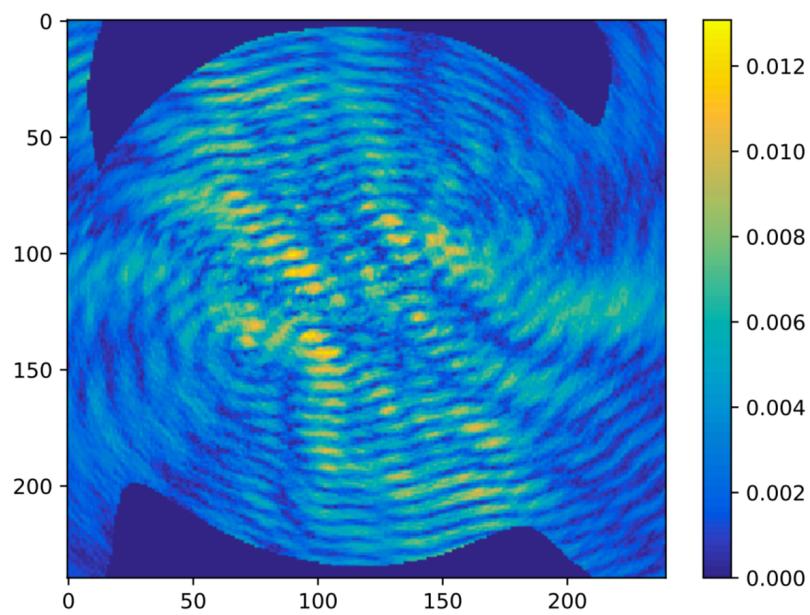


图 1.5 Phantom 指纹图像举例。

敏感，不能获得  $B_0$  的参数图。其他种类序列的应用请参考文献<sup>[40,41]</sup>。

### 1.4.2 字典生成

MRF 字典中包含了不同参数的组织在 MR 序列中的模拟信号演化，字典中的每一个元素都包含着一组组织参数。因此，MRF 的精度取决于生成字典所用的模型的精度和字典的大小。如果字典过小，则会导致重建参数图结果不精确；如果字典过大，生成字典和之后的匹配算法所需的时间就会增多。对于一个给定的 MRF 序列来说，字典只需要生成一次，并且在之后的应用中保持不变。

目前生成字典主要有两种数学模型。Ma 在<sup>[13]</sup> 中使用了简单的 Bloch 方程来模拟 bSSFP 序列中射频场和时序对于单一 isochromat 的影响。模型假设指纹中的每个体素都由单一 isochromat 构成。Bloch 方程也可以应用在 uSSFP 中，但是会消耗更多的时间。这是因为在 uSSFP 中，由于非平衡梯度场的存在，指纹中的每个体素都是多个 isochromats 的平均。因此 Bloch 方程在处理 uSSFP 时的效率不高。

扩展相图 (Extended Phase Graph, EPG<sup>[42]</sup>) 是模拟 uSSFP 的另一种常用的模型。图1.6展示了 EPG 模型生成字典中的元素。EPG 将体素内的自旋系统中描述为离散的状态矩阵，可以有效地表示自旋系统在非平衡梯度场的影响下随着时间的演化。EPG 的具体细节请看第2.2 小节。EPG 的另一个好处是可以在原有模型的基础上，加上其他参数的影响，如  $B_0$ ,  $B_1^+$ , 磁化转移 (Magnetization Transfer, MT) 等。因此 EPG 在 MRF 中有着广泛的应用。但是由于 EPG 模型需要计算和存储 isochromats 的状态矩阵，EPG 的运行速度通常比较慢。

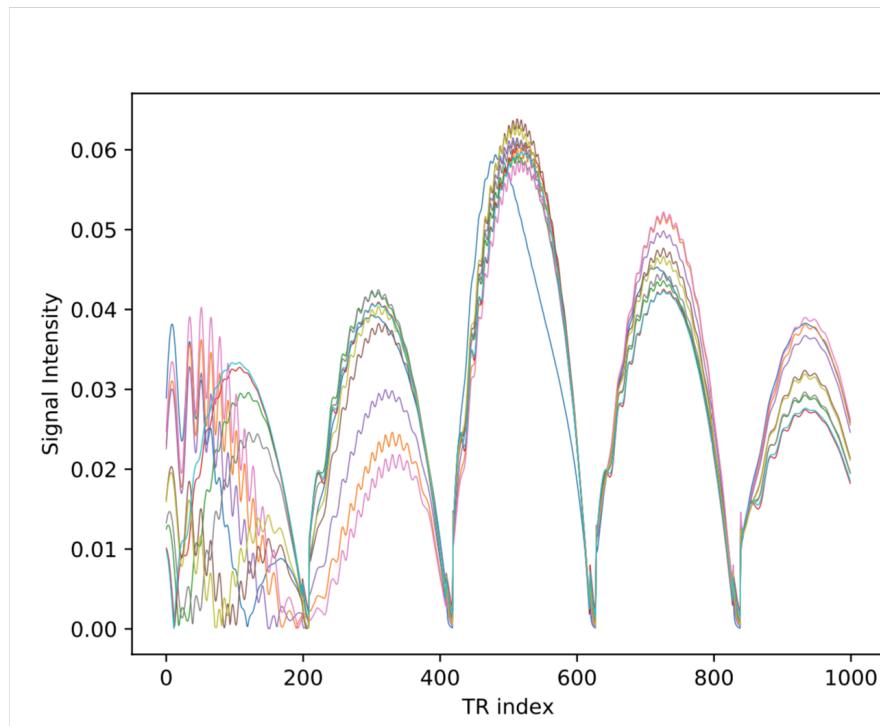


图 1.6 EPG 模型生成的字典元素。

### 1.4.3 参数图重建

MRF 的最后一步是选择合适的匹配算法，将采集到的指纹信号和生成的字典进行匹配，重建参数图。因此参数图的准确性取决于匹配算法的是否对噪声和下采样伪影具有鲁棒性。由于 MRF 数据维度一般很大，匹配算法所消耗的时间一般很多。因此目前 MRF 的研究重点在于不降低参数图质量的情况下加速匹配算法。参数图的重建算法一般可以分成以下四大类。

Ma 在<sup>[13]</sup> 使用了模板匹配 (Template Matching) 的方法来重建参数图。对于每个指纹体素，模板匹配从字典中选择与该体素最配的元素，从而获得该体素的参数值。记  $X = x_i \in C^L, i = 1, \dots, N$  为采集到的指纹数据， $N$  为体素的个数， $L$  为时间点 ( $T_R$ ) 的个数。记  $D = d_k \in C^L, k = 1, \dots, P$  为生成的字典， $P$  为字典中元素的个数。那么模板匹配即为从字典  $D$  中选取和  $x_i$  内积最大的元素：

$$\hat{k}_i = \arg \max_k |\langle \mathbf{d}_k, \mathbf{x}_i \rangle|. \quad (1.30)$$

并且质子密度也可以同时计算：

$$\hat{\rho}_i = |\langle \mathbf{d}_{\hat{k}_i}, \mathbf{x}_i \rangle|. \quad (1.31)$$

模板匹配的方法可以精确地重建参数图，并且对噪声和伪影有鲁棒性。图1.7展示了使用模版匹配方法重建脑部 MRF 的参数图。通过简单的计算可以看出，模板匹配的计算

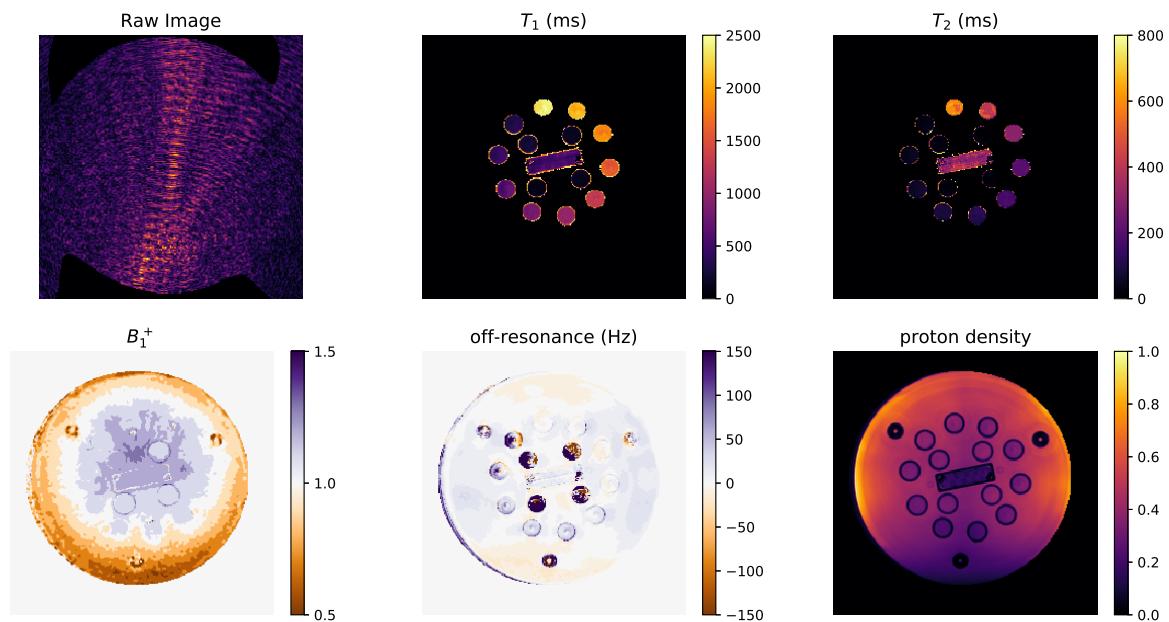


图 1.7 模板匹配的 phantom 参数图。

复杂度为  $O(NL^2P)$ 。一般来说，MRF 的时间点  $L$  通常在 1000 以上，字典的个数通常在 10000 以上，而体素的个数也会达到 10000 以上。所以模板匹配所消耗的时间长，使用 MALTAB 软件在 CPU 上运行通常需要几十分钟甚至几小时。因此在临床中需要更快速的方法来重加参数图。

第二类方法是降维的思想，先对字典或者数据进行降维处理，然后在降维后的字典上进行匹配。这类方法本质上是对模板匹配的近似。Cauley<sup>[43]</sup> 等利用了 Grouping 的思想进行 MRF 参数图重建。算法先将字典中的元素分成若干组，使得组内的元素高度相关，并且用组内所有元素的均值来表示这个组的指纹信号，然后再将指纹数据与分组之后的字典进行匹配。该算法大大加速了字典匹配的速度，但是由于依然需要生成字典，字典生成的时间并没有减少。McGivney<sup>[44]</sup> 等人提出了利用奇异值分解 (Singular Value Decomposition, SVD) 的方法对字典和指纹数据投影到一个低维子空间，并在子空间中进行匹配。这个方法本质上是压缩了时间方向的维度  $L$ ，从而提高了运算速度。但是其依然需要生成和存储字典，并且相比于模板匹配存在重建误差。

第三类方法是将压缩感知理论应用到 MRF 中，在重建模型中给参数图加上一些先验信息。Davies<sup>[45]</sup> 等给出了使用压缩感知进行 MRF 重建的一般框架，将信号的 Bloch 相应流型描述成连续信号，并在这个流行上进行下采样。Cline<sup>[46]</sup> 等改进了 Davies 的模型，将对  $B_0$  加了空间先验信息，并用基于压缩感知的迭代算法求解模型。Pierre<sup>[47]</sup> 等提出了迭代多尺度 MRF 重建算法。该方法利用了 k-space 的先验信息，在数据项和模式识别之间迭代计算直到收敛。Wang<sup>[48]</sup> 等使用了基于小波变换的压缩感知框架对指纹数据的每一帧进行估计，然后再将重建后的图像和字典进行匹配。基于压缩感知的 MRF 重建在一定程度上取得了良好的效果，但是由于每个算法依然需要字典，生成字典速度慢的问题依然没有解决。

最后一大类方法是利用深度学习的框架来重建参数图。Cohen<sup>[49]</sup> 等利用全连接网络 (Fully Connected Neural Network, FCNN) 来训练和重建参数图，Hoppe<sup>[50]</sup> 和 Fabian<sup>[51]</sup> 等构建了 MRF 的卷积神经网络 (Convolutional Neural Network, CNN)。虽然这些深度神经网络取得了一定的效果，但是由于网络均使用了监督学习方法，训练所需的真实值依旧由模板匹配生成。因此，网络学习的效果也取决于模板匹配的准确性。

#### 1.4.4 本节小结

本节主要回顾了磁共振指纹的研究现状。磁共振指纹有三个部分，分别为数据采集、字典生成和模式识别。目前磁共振指纹的瓶颈在于字典生成和匹配的速度慢，使用降维或者其他估计方法会使得参数图的精度下降。因此，如何如何加速 MRF 的过程是研究人员关心的问题。

### 1.5 本文的主要研究内容和章节安排

加快 MR 成像速度一直是临床中十分重要的问题，而基于压缩感知理论的 MR 成像有着很好的重建效果，并且具有完善的理论分析。MRF 是新的量化 MRI 的方法，可以在单次扫描中同时得到多个组织参数。本文讨论的重点是基于压缩感知的胸部 DCE-MRI 的重建和基于 GPU 的 MRF 字典生成与重建。

第二章，我们首先简单回顾了 MR 成像的基本概念，包括射频场、梯度场、驰豫、

k-space 和 MR 序列。这些内容与 MR 重建有着密切的联系，了解 MR 的成像过程可以更深入理解基于压缩感知的 MR 重建模型与 MRF 采样和匹配的过程。然后我们给出了 EPG 模型的数学推导过程，这对有助于我们理解 MRF 字典的生成。

第三章，针对动态 MR 图像，利用压缩感知和图像分解的思想，提出了基于二阶时空 TGV 和核范数的重建模型。模型将图像分解为低秩部分和稀疏部分，其中低秩部分用核范数约束，稀疏部分用二阶时空 TGV 约束。核范数用来建模动态图像中时间方向高度相关的背景部分，并且可以很好地去除空间伪影；而 TGV 泛函用来表示图像中的光滑部分，可以在保证重建图像边界清晰的同时减少重建图像中的阶梯效应。我们利用主对偶算法来求解模型，并给出了保证算法收敛的范数估计。为了减少算法的计算时间，我们也利用了图形处理单元来加速 MRTLAB 程序。我们针对体模、心脏灌注与胸部 DCE-MRI 图像，对比了四种最前沿的针对动态 MR 重建模型在不同采样模式和不同采样率下的表现。实验结果表明，相对于其他四个模型，我们提出的模型在不同采样模式和不同采样率下，可以更好地消除空间伪影并且保证图像边缘的清晰，对于胸部 DCE-MRI 图像尤其显著。

第四章，针对 DCE-MRI 图像，我们量化地分析和比较了这 5 种稀疏项的，并做了统计上的分析。DCE-MRI 常用的量化分析模型也在这一章给出。实验结果表明了不同的稀疏项在重建图像质量和量化分析上的表现不同。核范数得到了最高信噪比的重建图像，而  $TV/TGV_{\alpha}^2$  在肿瘤部分的量化分析上最精确。

第五章，针对 MRF 字典生成与匹配速度慢的问题，我们使用图形处理单元来进行字典生成和模板匹配，并开发了一款开源软件 snapMRF。snapMRF 可以快速并准确地重建参数图，并且适用于不同的 MRF 序列。相比于其他 MRF 开源软件，snapMRF 的字典生成速度提高了  $10-1000\times$ ，字典匹配速度提高了  $10-100\times$ 。



## 2 MR 成像预备知识

为了保持文章的完整性，这一章我们介绍一些与 MR 成像和 MRF 重建相关的预备知识。

### 2.1 MR 成像原理

在这一小节，我们有简单回顾一下 MR 成像的基本过程和数学建模，这有利于我们加深对压缩感知 MRI 的理解。更详细的 MR 成像原理请参考文献<sup>[52-54]</sup>。

#### 2.1.1 物理原理与数学建模

核磁共振成像可以非侵入性的获取人体内组织图像，成像分辨率高，并未没有暴露在辐射中的危险。它主要利用了磁共振原理，反应了磁化粒子（主要是氢元素）和两个磁场的交互作用，一个是主磁场（main field），我们成为  $B_0$ ，另一个是射频磁场（Radiofrequency, RF），记做  $B_1$ ，如图2.1所示。其中  $B_0$  是大小和方向不变的静磁场，一般记为 z 方向； $B_1$  是周期性变化的磁场，方向与  $B_0$  垂直。此外，MRI 还有一种重要的磁场，成为梯度场。它的方向与主磁场平行，且大小随着空间位置的变化而变化。梯度场的作用是使得主磁场的大小发生改变，在 x,y 或者 z 方向上产生一个梯度，用于之后的成像过程。

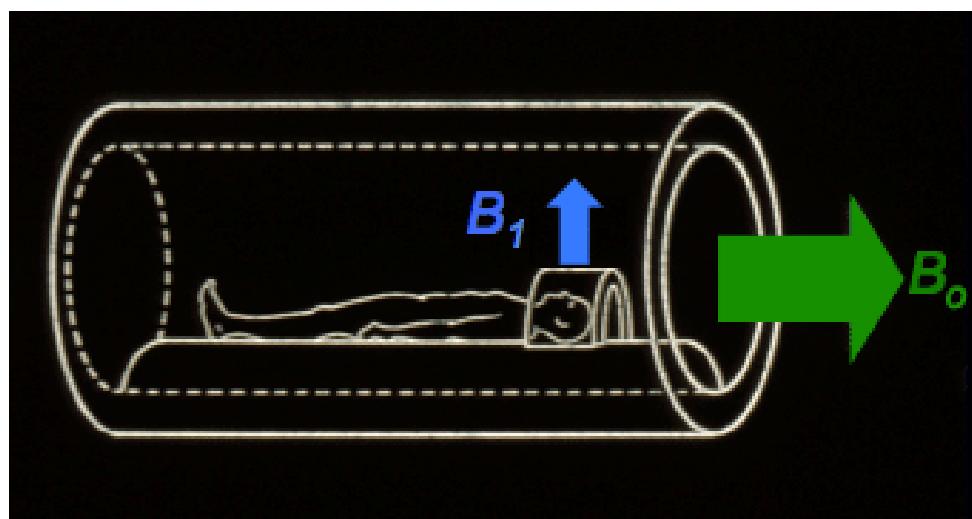


图 2.1 主磁场  $B_0$  和射频场  $B_1$ 。

成像前，所有待成像原子都做无规则的自旋运动。开始成像时，我们打开主磁场  $B_0$ ，这时所有待成像的原子会比主磁场磁化，进入热平衡状态，产生一个平行于主磁场方向的磁动量  $\vec{M}$ 。然后打开 RF 磁场，于此同时打开预先设定好的梯度场，这样会使得待成像原子产生共振，处于激发态。宏观上来看， $\vec{M}$  会绕着磁场  $B$  以 Larmor 频率

$\omega$  旋转:

$$\omega = -\gamma |\vec{B}| \quad (2.1)$$

其中  $\gamma$  是旋磁率(常数)。这个过程被成为进动 (precession)。可以看出, 磁动量的 Larmor 频率的大小与其所处的磁场大小成正比。这里的磁场  $B$  由四部分构成, 分别为主磁场  $B_0$  和三个方向的梯度场  $G_x(t)$ ,  $G_y(t)$  和  $G_z(t)$ :

$$B(x, y, z, t) = B_0 + xG_x(t) + yG_y(t) + zG_z(t) \quad (2.2)$$

主磁场的大小和方向不变, 而梯度场是随时间和空间变化的磁场, 决定和磁场  $B$  的大小和方向。

$\vec{M}$  被射频场从热平衡态激发之后, 逐渐偏离主磁场, 并产生一个垂直方向的磁化  $\vec{M}_\perp$ 。我们将  $\vec{M}$  偏离主磁场的角度, 即与  $z$  轴的夹角称为偏转角 (flip angle) 记为  $\alpha$ , 将  $\vec{M}$  与  $x$  轴的夹角称为相位角, 记为  $\phi$ , 将将磁动量的在  $x, y, z$  处,  $t$  时刻的密度 (density) 记为  $m(x, y, z, t)$ , 则旋进 (precession) 的角度或者相位累积为:

$$\begin{aligned} \phi(x, y, z, t) &= - \int_{t'=0}^t \gamma |B(x, y, z, t')| dt' \\ &= \omega_0 t - 2\pi(xk_x(t) + yk_y(t) + zk_z(t)) \end{aligned} \quad (2.3)$$

其中

$$\omega_0 = -\gamma |B_0| \quad (2.4)$$

$$\begin{aligned} k_x(t) &= \frac{\gamma}{2\pi} \int_{t'=0}^t G_x(t') dt' \\ k_y(t) &= \frac{\gamma}{2\pi} \int_{t'=0}^t G_y(t') dt' \\ k_z(t) &= \frac{\gamma}{2\pi} \int_{t'=0}^t G_z(t') dt' \end{aligned} \quad (2.5)$$

通过上面的方程可以看出, 位置  $x, y, z$  相对于初始位置的累积旋进角度等于位置向量  $\vec{r} = (x, y, z)$  与向量  $\vec{k}(t) = (k_x(t), k_y(t), k_z(t))$  的内积的  $-2\pi$  倍。我们定义  $\vec{k}(t)$  为 k-space。k-space 是 MR 中最基本的概念, 在之后的章节也会用到。

有了相位, 我们就可以得到任意时刻在  $(x, y, z)$  的磁场密度:

$$\begin{aligned} m_\perp(x, y, z, t) &= m_\perp(x, y, z, 0) e^{i\phi(x, y, z, t)} \\ &= m_\perp(x, y, z, 0) e^{i\omega_0 t} e^{-2\pi i(xk_x(t) + yk_y(t) + zk_z(t))} \end{aligned} \quad (2.6)$$

这里  $m_\perp = m_x + im_y$ 。

然后我们对视野内 (Field Of View, FOV) 所有原子的磁场密度进行积分

$$\begin{aligned} M_\perp &= \iiint_{FOV} m_\perp(x, y, z, t) d\vec{r} \\ &= e^{i\omega_0 t} \iiint_{FOV} m_\perp(x, y, z, 0) e^{-2\pi i(xk_x(t) + yk_y(t) + zk_z(t))} d\vec{r} \end{aligned} \quad (2.7)$$

我们记  $I(\vec{r}) = m_{\perp}(x, y, z, 0)$  并且去掉检测阶段 (detection stage) 的  $e^{i\omega_0 t}$ , 我们得到最终 MRI 信号:

$$S(\vec{k}(t)) = \iiint_{FOV} I(\vec{r}) e^{-2\pi i \vec{k}(t) \cdot \vec{r}} d\vec{r} \quad (2.8)$$

从方程2.8中可以看出, MRI 信号与图像的 Fourier 变换成正比。由于我们测得的信号是 Fourier 域的数据, 所以如果我们要得到最终的图像  $I(\vec{r})$ , 我们需要从采集到的数据  $S(\vec{k}(t))$  中恢复出  $I(\vec{r})$ 。

### 2.1.2 图像重建

我们的目标是从采集到的数据  $S(\vec{k}(t))$  中恢复出  $I(\vec{r})$ 。首先, 我们假设一下两点。第一, 我们所获得的 k-space 数据是有限的; 第二, 测量过程是带有噪声的。因此我们将方程2.8加上噪声并且简写为:

$$S(k_m) = \int I(r) e^{-2\pi i k_m \cdot r} d\vec{r} + \epsilon(k_m), m = 1, \dots, M \quad (2.9)$$

由于在  $I(r)$  为连续函数, 而我们只有有限个 k-space 采样点, 因此这个重建过程是病态的。Nyquist 采样定理表明, 如果要精确地重建出信号, 采样率需要达到信号最高频率的两倍以上。这我们假设采样达到了 Nyquist 采样定理的要求, 我们称之为全采样。我们假设,  $I(r)$  属于有限维空间, 则  $I(r)$  可以用这个空间的一组基来表示:

$$I(r) = \sum_{n=1}^N I_n \psi_n(r) \quad (2.10)$$

这里  $\psi_n(r), n = 1, \dots, N$  为基函数,  $N$  为空间的维度。其函数的选择有很多种, 一般来说, 可以取  $\psi(r)$  为 Dirac 函数或者矩形方程。将方程2.10和  $\psi(r)$  带入方程2.9得到:

$$S(k_m) = \sum_{n=1}^N F_{m,n} I_n + \epsilon(k_m), m = 1, \dots, M, \quad (2.11)$$

这里  $F_{m,n} = e^{-2i\pi k_m r_n} \Psi(k_m)$ ,  $\Psi(k_m)$  为  $\psi(r)$  在  $k_m$  点的 Fourier 变换。将上式写成矩阵形式则为:

$$b = Fx + \epsilon, \quad (2.12)$$

其中  $b \in C^M$  为测量得到的数据,  $F \in C^{M \times N}$  为测量矩阵,  $x \in C^N$  为我们要求的图像,  $\epsilon \in C^M$  为噪声。

### 2.1.3 采样轨迹

由上一部分可以知道, 测量矩阵  $F$  取决于数据在 k-space 的采样轨迹  $k$  和基函数  $\psi(r)$  的选择。比如, 当  $\psi(r)$  为 Dirac 函数,  $M = N$  并且所有采样点都在均匀 Cartetian 的网格上时, 测量矩阵  $F$  退化为 Fourier 变换矩阵。这时, 方程2.12可以通过简单的 Fourier 逆变换求解。

在 MR 成像中，采样轨迹是通过调整梯度场  $G_x, G_y$  和  $G_z$  的大小和方向来实现的。在理想情况下，我们希望整个 k-space 可以被一条光滑的采样轨迹所覆盖。但在实际情况中，由于信号的衰减和主磁场  $B_0$  的非均匀，我们一般需要多条采样轨迹来覆盖 k-space。这些采样轨迹合在一起称为采样模式。在 MRI 中的采样模式可以分为 Cartesian 采样和非 Cartesian 两大类。其中 Cartesian 采样计算简便，在临床中应用最为广泛。而非 Cartesian 的采样方式，如径向 (Radial) 采样和螺旋 (Spiral) 采样可以达到更高的下采样率，但是计算比 Cartesian 繁琐。

#### 2.1.4 MR 序列

在这一节中我们介绍 MR 中常用的成像序列。在2.1.1中我们提到，当射频场打开之后，磁化  $M$  发生共振激发，沿着主磁场方向进动。当射频场关闭之后，磁化  $M$  会从激发态慢慢恢复到热平衡态，这一过程成为驰豫 (relaxation)。我们将热平衡态的磁化大小记为  $M_0$ ，磁化  $M$  的垂直分量记为  $M_z$ ，水平分量记为  $M_{xy}$ 。驰豫的过程即为  $M_z$  慢慢变大而  $M_{xy}$  慢慢减小的过程。则根据方向的不同，我们将驰豫分为纵向驰豫和横向驰豫，他们满足以下 Bloch 方程<sup>[55]</sup>：

$$\begin{aligned} M_z(t) &= M_0(1 - e^{-t/T_1}), \\ M_{xy}(t) &= M_0 e^{-t/T_2} \end{aligned} \quad (2.13)$$

其中  $T_1$  为纵向驰豫时间，是  $M_z$  恢复到  $63\%M_0$  所需要的时间； $T_2$  是横向驰豫时间，是  $M_{xy}$  损失为原来的  $37\%$  所需要的时间。这里  $T_1$  和  $T_2$  是物质的固有属性，也是 MR 图像中对比度的主要来源。 $T_1$  和  $T_2$  在定量 MR 分析中有着重要的作用，这一点我们后面再介绍。

前面我们介绍了射频场和梯度场在 MR 成像的作用。而 MR 序列即为不同射频脉冲序列和梯度脉冲序列的特定设置，每个不同的 MR 序列都会影响最终所成图像。MR 中常用的序列有两大类，一类是自旋回波序列 (Spin Echo, SE)，另一类是梯度回波序列 (Gradient Echo)。

自旋回波是 MR 成像中的基本序列，也是最常用的序列。自旋回波的过程如图2.2所示。其中回波时间 (Echo Time,  $T_E$ ) 是  $90^\circ$  射频脉冲打开到收到回波的时间。自旋回波的特点是在  $T_E/2$  时刻加入了  $180^\circ$  的射频脉冲，使得磁化反向聚焦从而产生回波。

而梯度回波序列与自旋回波不同，它是靠梯度场的反向来达成聚焦从而产生回波。梯度回波的过程如图2.3所示。其中，重复时间 (Repetition Time,  $T_R$ ) 是连续两个射频脉冲的间隔时间，即序列的重复时间。

临床中所得到的 MR 图像大部分都是通过这两种回波序列的改进或者组合而得到，因此它们在 MR 成像中有着重要的作用。

#### 2.1.5 本节小结

在这一节中，我们主要介绍了 MR 成像的基本概念并推导了其数学模型。MR 成像可看成在 k-space 中采集数据并重建图像的过程，而不同的采样方式会对重建图像有

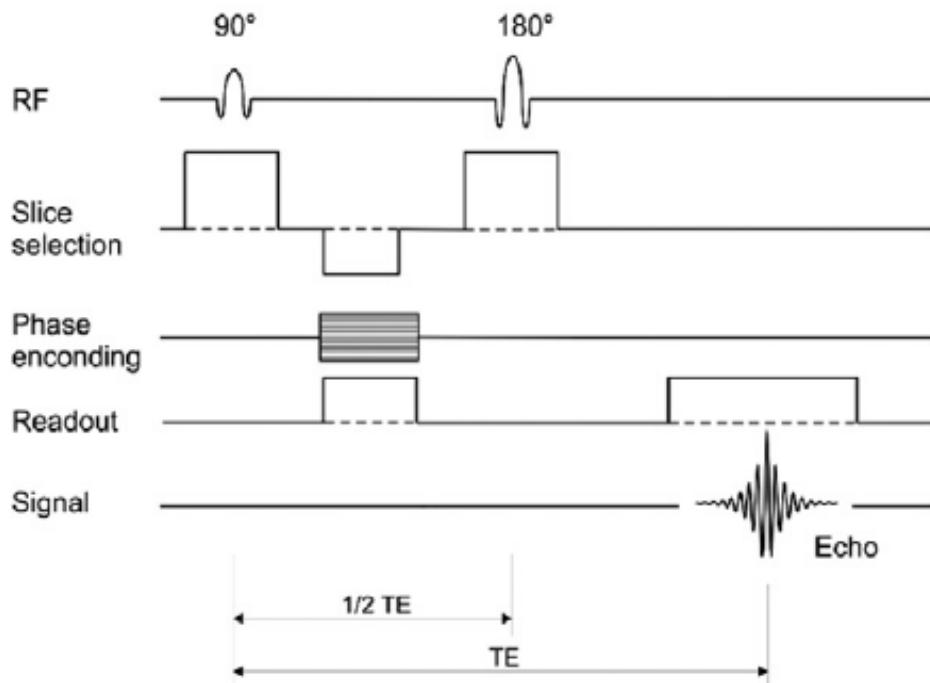


图 2.2 自旋回波序列。

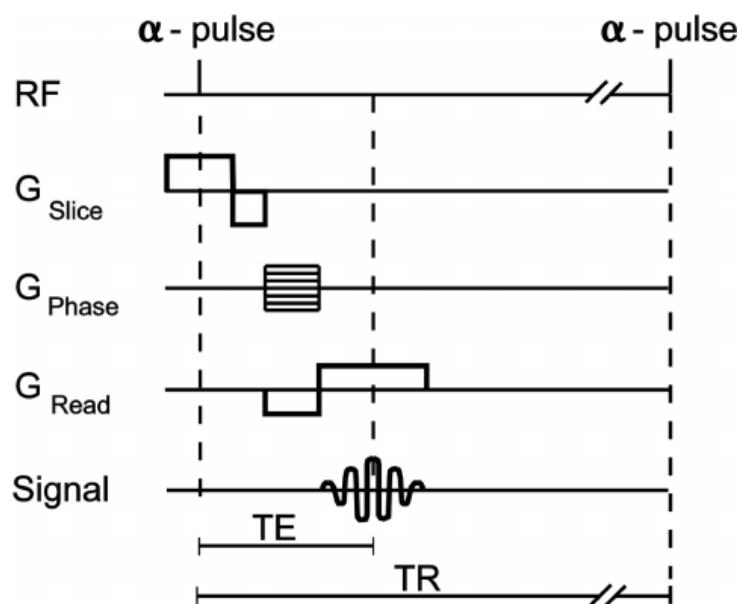


图 2.3 梯度回波序列。

着不同的影响，重建算法也会有所不同。MR 序列是 MRI 中的重要概念，序列的参数，如偏转角、相位角、重复时间和回波时间等，会对重建图像有着不同的影响。这些概念我们在后面的章节也要用到。

## 2.2 扩展相图

在这一小节中，我们简单介绍扩展相图 (Extended Phase Graph, EPG) 的数学模型，详细的信息请参考文献<sup>[42]</sup>。这有助于我们理解 MRI 中回波强度的计算和第5章中 snapMRF 的程序设计。

EPG 是用来描述和理解磁化在不同 MR 序列中响应的有力工具。在 EPG 中，梯度场、射频场、驰豫等对磁化的作用都可以用矩阵的简单计算来实现，因此在传统 MRI 和 MRF 中有着广泛的应用。相比与使用传统的 Bloch 方程来理解磁化响应的方法，EPG 可以快速并准确地量化回波强度，尤其当序列中存在多个梯度场时。

### 2.2.1 配置状态矩阵

EPG 中的第一个重要概念是用配置状态来表征梯度场使磁化失去相位和获得相位的过程。对于一个非中心位置的 risochromat，假设其大小为  $M = |\mathbf{M}|$ ，则可将其分解为：

$$M_x(\mathbf{r}) = M \cos \left( \gamma \mathbf{r} \cdot \int_0^t \mathbf{G}(t') dt' \right) = M \cos(\mathbf{k} \cdot \mathbf{r}), \quad (2.14)$$

$$M_y(\mathbf{r}) = M \sin \left( \gamma \mathbf{r} \cdot \int_0^t \mathbf{G}(t') dt' \right) = M \sin(\mathbf{k} \cdot \mathbf{r}). \quad (2.15)$$

这里相位角  $\phi(\mathbf{r}) = \int_0^t \gamma \mathbf{G}(t') \cdot \mathbf{r} dt'$  定义在给定时间  $t$  上，并且

$$\mathbf{k}(t) = \gamma \int_0^t \mathbf{G}(t') dt' \quad (2.16)$$

为失相的阶数 (order)。注意这里的阶数也就是上节说讨论的采样轨迹。将坐标从实数改变到复数，则上式变为：

$$\begin{aligned} M_+(\mathbf{r}) &= M_x(\mathbf{r}) + i M_y(\mathbf{r}) \\ &= M e^{i\phi(\mathbf{r})} = M e^{i\mathbf{k} \cdot \mathbf{r}} = (M_-)^*, \end{aligned} \quad (2.17)$$

$$\begin{aligned} M_-(\mathbf{r}) &= M_x(\mathbf{r}) - i M_y(\mathbf{r}) \\ &= M e^{-i\phi(\mathbf{r})} = M e^{-i\mathbf{k} \cdot \mathbf{r}} = (M_+)^*. \end{aligned} \quad (2.18)$$

这里 \* 表示共轭。通过这样的坐标转换可以更加有效的表征水平磁化。

由于在一个体素中可能会包含多个 isochromats, 而不是单一的, 在实际计算中, 我们需要考虑所有 isochromats 的影响。将体积  $V$  内的水平磁化进行积分得到:

$$\begin{aligned}\tilde{F}_+(\mathbf{k}) &= \int_V M_+(\mathbf{r}) e^{-i\mathbf{k}\cdot\mathbf{r}} d^3 r \\ \iff M_+(\mathbf{r}) &= \int_V \tilde{F}_+(\mathbf{r}) e^{i\mathbf{k}\cdot\mathbf{r}} d^3 k,\end{aligned}\quad (2.19)$$

$$\begin{aligned}\tilde{F}_-(\mathbf{k}) &= \int_V M_-(\mathbf{r}) e^{i\mathbf{k}\cdot\mathbf{r}} d^3 r \\ \iff M_-(\mathbf{r}) &= \int_V \tilde{F}_-(\mathbf{r}) e^{i\mathbf{k}\cdot\mathbf{r}} d^3 k.\end{aligned}\quad (2.20)$$

这个方程表明由梯度场导致的失相可以由配置状态  $F_+$  和  $F_-$  来解释, 因此所有 isochromats 的状态也可以很容易地计算。

### 2.2.2 分区状态方法

EPG 模型中第二个重要的概念是分区状态方法, 用于描述射频场对于磁化的影响。根据 Bloch 方程, 射频场对磁化  $[M_+, M_-, M_z]$  的作用可以被定义为:

$$T_x(\alpha) = \begin{bmatrix} \cos^2 \frac{\alpha}{2} & \sin^2 \frac{\alpha}{2} & -i \sin \alpha \\ \sin^2 \frac{\alpha}{2} & \cos^2 \frac{\alpha}{2} & i \sin \alpha \\ -\frac{i}{2} \sin \alpha & \frac{i}{2} \sin \alpha & \cos \alpha \end{bmatrix} \quad (2.21)$$

和

$$T_z(\phi) = \begin{bmatrix} e^{i\phi} & 0 & 0 \\ 0 & e^{-i\phi} & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad (2.22)$$

其中  $\alpha$  是偏转角,  $\phi$  是相位角。将方程2.21和方程2.22通过  $T_\Phi(\alpha) = T_z(\Phi)T_x(\alpha)T_z(-\Phi)$  组合, 可以得到初始相位为  $\Phi$  的射频场对磁化的作用矩阵, 我们用  $T$  来表示:

$$\begin{bmatrix} M_+ \\ M_- \\ M_z \end{bmatrix}^+ = \begin{bmatrix} \cos^2 \frac{\alpha}{2} & e^{2i\Phi} \sin^2 \frac{\alpha}{2} & -ie^{i\Phi} \sin \alpha \\ e^{-2i\Phi} \sin^2 \frac{\alpha}{2} & \cos^2 \frac{\alpha}{2} & ie^{-i\Phi} \sin \alpha \\ -\frac{i}{2}e^{-i\Phi} \sin \alpha & \frac{i}{2}e^{i\Phi} \sin \alpha & \cos \alpha \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} M_+ \\ M_- \\ M_z \end{bmatrix}^- \quad (2.23)$$

这里 “-” 和 “+” 的意思是在射频场作用之前和之后。方程2.23给出了射频场对于单一 isochromat 的作用。在射频场的作用之后, 磁化可以分为三个部分, 即失相部分 ( $M_+$ ), 得相部分 ( $M_-$ ) and 垂直部分 ( $M_z$ )。

将配置状态矩阵和分区状态方法结合起来，就可以得到射频场对状态矩阵的作用：

$$\begin{bmatrix} \tilde{F}_+(k) \\ \tilde{F}_-(-k) \\ \tilde{Z}(k) \end{bmatrix}^+ = \begin{bmatrix} \cos^2 \frac{\alpha}{2} & e^{2i\Phi} \sin^2 \frac{\alpha}{2} & -ie^{i\Phi} \sin \alpha \\ e^{-2i\Phi} \sin^2 \frac{\alpha}{2} & \cos^2 \frac{\alpha}{2} & ie^{-i\Phi} \sin \alpha \\ -\frac{i}{2}e^{-i\Phi} \sin \alpha & \frac{i}{2}e^{i\Phi} \sin \alpha & \cos \alpha \end{bmatrix}^- \times \begin{bmatrix} \tilde{F}_+(k) \\ \tilde{F}_-(-k) \\ \tilde{Z}(k) \end{bmatrix}^- . \quad (2.24)$$

这里

$$\begin{aligned} \tilde{Z}(k) &= \int_V M_z(\mathbf{r}) e^{-i\mathbf{k}\cdot\mathbf{r}} d^3r \\ \iff M_z(\mathbf{r}) &= \int_V \tilde{Z}(k) e^{i\mathbf{k}\cdot\mathbf{r}} d^3k. \end{aligned} \quad (2.25)$$

### 2.2.3 其他因素的作用

在以上两个部分，我们推导了射频场对磁化的作用矩阵  $T$ 。除了射频场的作用，EPG 模型也可以很容易地表示其他因素对磁化的作用，比如梯度场、驰豫等。这也是 EPG 模型的优点之一。

由于梯度场造成的水平失相可以用位移算子  $S$  来表征：

$$S(\Delta k) : \quad \tilde{F}_k \rightarrow \tilde{F}_{k+\Delta k} \quad \text{and} \quad \tilde{Z}_k \rightarrow \tilde{Z}_k, \quad (2.26)$$

这里  $\Delta k = \gamma \int_{t'=0}^t \mathbf{r} dt'$ 。

驰豫作用可以由下面的算子  $E$  实现。对于对于  $k \neq 0$  的状态：

$$\begin{aligned} E &= \begin{bmatrix} E_2 & 0 & 0 \\ 0 & E_2 & 0 \\ 0 & 0 & E_1 \end{bmatrix} \\ &= \begin{bmatrix} e^{-\tau/T_2} & 0 & 0 \\ 0 & e^{-\tau/T_2} & 0 \\ 0 & 0 & e^{-\tau/T_1} \end{bmatrix}, \end{aligned} \quad (2.27)$$

这里  $\tau$  是驰豫进行的时间长度。

当  $k = 0$  时，需要在  $\tilde{Z}(0)$  上进行额外的  $T_1$  驰豫，方程变为：

$$\begin{bmatrix} \tilde{F}_+(k) \\ \tilde{F}_-(-k) \\ \tilde{Z}(k) \end{bmatrix}^+ = \begin{bmatrix} E_2 & 0 & 0 \\ 0 & E_2 & 0 \\ 0 & 0 & E_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \tilde{F}_+(k) \\ \tilde{F}_-(-k) \\ \tilde{Z}(k) \end{bmatrix}^- + \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ M_0(1 - E_1) \end{bmatrix}. \quad (2.28)$$

### 2.2.4 最终模型

到现在为止，我们已经定义了射频场的作用算子  $T$ ，梯度场的失相算子  $S$  以及驰豫算子  $E$ 。那么对于一个给定的 MR 序列，磁化在其中的相应可以表示为：

$$\Omega(t) = \cdots E \cdot S \cdot T \cdot E \cdot S \cdot T \cdot \Omega(t=0), \quad (2.29)$$

其中状态矩阵按照以下形式存储：

$$\Omega = \begin{bmatrix} \tilde{F}_0 & \tilde{F}_1 & \tilde{F}_2 & \tilde{F}_3 & \tilde{F}_4 & \cdots \\ \tilde{F}_0^* & \tilde{F}_{-1}^* & \tilde{F}_{-2}^* & \tilde{F}_{-3}^* & \tilde{F}_{-4}^* & \cdots \\ \tilde{Z}_0 & \tilde{Z}_1 & \tilde{Z}_2 & \tilde{Z}_3 & \tilde{Z}_4 & \cdots \end{bmatrix} \quad (2.30)$$

### 2.2.5 本节小结

在小节中，我们简单回顾了 EPG 模型，并推导了射频场、梯度场以及驰豫对于磁化的作用矩阵。注意这里我们只给出了这三种因素的作用，但 EPG 模型也可以加入其他因素的影响，如扩散和运动。

## 2.3 本章总结

在本章节中，我们首先回顾了 MR 成像的基本原理和数学模型，并介绍了一些基本概念，如射频场、梯度场、驰豫、序列等。这有助于我们理解基于压缩感知的 MR 成像模型。之后我们简单回顾了扩展相图模型，并推导了射频场、梯度场和驰豫对于磁化的作用矩阵。这有助于我们理解第5章 snapMRF 的程序设计。



### 3 动态 MRI 图像的低秩和稀疏分解模型

动态 MRI 中最重要的问题是时间和空间分辨率的限制，这是由于其数据采集速度慢所决定的。在对图像进行动态采样时，如果我们在每一帧上采集了更多的数据，那么在同样的时间内，我们就只能获得更少帧数的数据，造成图像时间分辨率的降低。反之，如果我们保证了时间分辨率，尽可能多的在每一帧数上都采集数据，那么必然造成在每一帧上采集数据的减少，造成空间分辨率的降低。因此，动态 MRI 的时间分辨率和空间分辨率之间的平衡很难把握。如何在压缩感知的框架下为动态 MR 图像选择合适的时间和空间稀疏表示很大程度上决定了重建质量的好坏。在本章中，我们提出了基于低秩和稀疏分解的动态 MR 压缩感知模型，并于经典的模型进行了对比。实验表明我们的模型在抑制阶梯效应，提高信噪比方面具有优势。

#### 3.1 模型的提出

##### 3.1.1 L&S 模型

目前压缩感知在动态 MRI<sup>[35,37,56-58]</sup> 中已经有广泛的应用，我们在小节1.2中已经有所介绍。在第4章中，我们定量地比较了 5 种不同时间方向的稀疏项对于胸部 DCE-MRI 压缩感知重建的影响。我们发现 TV 可以得到最精确的定量分析，而核范数则可以得到最高的信噪比。一个自然的想法是结合两者的优点，将这两者都用到模型中：

$$\min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|_F^2 + \alpha \|\nabla_t X\|_1 + \beta \|X\|_* \quad (3.1)$$

一般称这一类模型称为 L&S，即这种模型旨在寻找一个自身即稀疏 (Low Rank, L) 又低秩 (Sparse, S) 的解。对于模型3.1，我们称之为 TTV&NN。这个模型虽然理论上求得一个不错的结果，但本质上，不论是  $\nabla_t$  还是核范数都只利用了时间方向的稀疏性，并没有利用空间方向的信息。而对于动态 MR 图像，稀疏性在时间空间方向上都有体现。仅仅使用时间方向的稀疏项无疑是不够的。

在 L&S 的框架下，Lingala 等提出了基于空间 TV 和核范数的压缩感知重建模型 k-t SLR<sup>[35]</sup>。模型如下：

$$\min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|^2 + \alpha \|X\|_{\text{TV}} + \beta \|X\|_* \quad (3.2)$$

这里  $\|\cdot\|_*$  是矩阵的核范数，即矩阵的奇异值的和，而  $\|X\|_{\text{TV}}$  定义为：

$$\|\cdot\|_{\text{TV}} = \sqrt{(\nabla_x \cdot)^2 + (\nabla_y \cdot)^2 + (\nabla_t \cdot)^2}, \quad (3.3)$$

其中  $\nabla_x$ ,  $\nabla_y$  和  $\nabla_t$  分别为  $x$ ,  $y$  和  $t$  方向上的梯度算子。

k-t SLR 利用了三个方向的一阶梯度信息来作为空间的稀疏项，取得了很好地效果。但由于 TV 刻画的是分片常数的函数，用 TV 来约束图像经常会使重建的图像产生阶梯效应。针对这个问题，Bredies 等<sup>[59]</sup> 提出了基于图像高阶信息的 Total Generalized Variation (TGV) 的理论框架。TGV <sub>$\alpha$</sub> <sup>2</sup> 可很好地刻画图像中的平滑部分，在抑制阶梯效应方面有着良好的表现。图3.1显示了 TV 所带来的阶梯效应与 TGV <sub>$\alpha$</sub> <sup>2</sup> 在去除伪影方面的优势。

利用 TGV <sub>$\alpha$</sub> <sup>2</sup> 可以抑制阶梯效应的优点，我们很容易提出模型 TGV&NN：

$$\min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|^2 + \alpha \text{TGV}_{\alpha}^2(X) + \beta \|X\|_* \quad (3.4)$$

模型3.4利用了时间和空间方向的信息，并且能够抑制图像的阶梯效应。但是在动态 MR 图像，尤其是在 DCE-MR 图像中，很少存在大片的光滑区域，这时 TGV <sub>$\alpha$</sub> <sup>2</sup> 并没有比 TV 体现出优势。

### 3.1.2 L+S 模型

动态 MR 压缩感知的另一类方法是利用图像分解的思想，即将图像中的不同成分和特征分别有不同的稀疏项来约束，从而达到保留不同特征的目的。图像分解的理论表明图像可以分解为卡通部分 (Cartoon) 和纹理部分 (Texture)<sup>[60]</sup>。对于一副二维图像  $u$ ，其卡通-纹理分解可以表示为：

$$u = u_1 + u_2 \quad (3.5)$$

其中  $u_1$  和  $u_2$  分别表示图像中的卡通部分和纹理部分。目前已经有多方法将这种分解的思想应用到压缩感知中<sup>[61,62]</sup>。本质上来说，这些方法都将 MR 图分解为卡通部分和纹理部分，并使用不同的稀疏项来进行约束，取得了很好的效果。

在动态 MR 压缩感知中，也有很多模型利用到了图像分解的思想<sup>[37,63-67]</sup>。其中，Otazo<sup>[37]</sup> 等在 2015 年提出了基于低秩与稀疏分解来进行动态 MRI 压缩感知重建的模型 L+S<sup>[37]</sup>。模型将动态图像  $X \in C^{mn*d}$  分解为低秩部分  $L$  与稀疏部分  $S$ ：

$$\min_{L,S} \frac{1}{2} \|A(L + S) - B\|_2^2 + \alpha \|TS\|_1 + \beta \|L\|_* \quad (3.6)$$

其中低秩部分  $L$  建模时间上高度相关的背景，稀疏部分  $S$  表征背景之上的动态信息， $T$  是某个稀疏变换。文章中根据不同数据选择了不同的稀疏项  $T$ 。比如在心脏电影成像中， $T$  为时间方向的 Fourier 变换  $F_t$ ；在血管造影中， $T$  为单位矩阵（即没有稀疏变换）；在胸部 DCE-MRI 中， $T$  为时间方向上的差分算子  $\nabla_t$ 。虽然模型取得了很好的效果，但其本质上只利用的时间方向的稀疏性。

结合图像分解的思想与 TGV <sub>$\alpha$</sub> <sup>2</sup> 在抑制阶梯效应的优势，我们提出模型 TGV+NN：

$$\min_{L,S} \frac{1}{2} \|A(L + S) - B\|_2^2 + \alpha \text{TGV}_{\alpha}^2(S) + \beta \|L\|_* \quad (3.7)$$

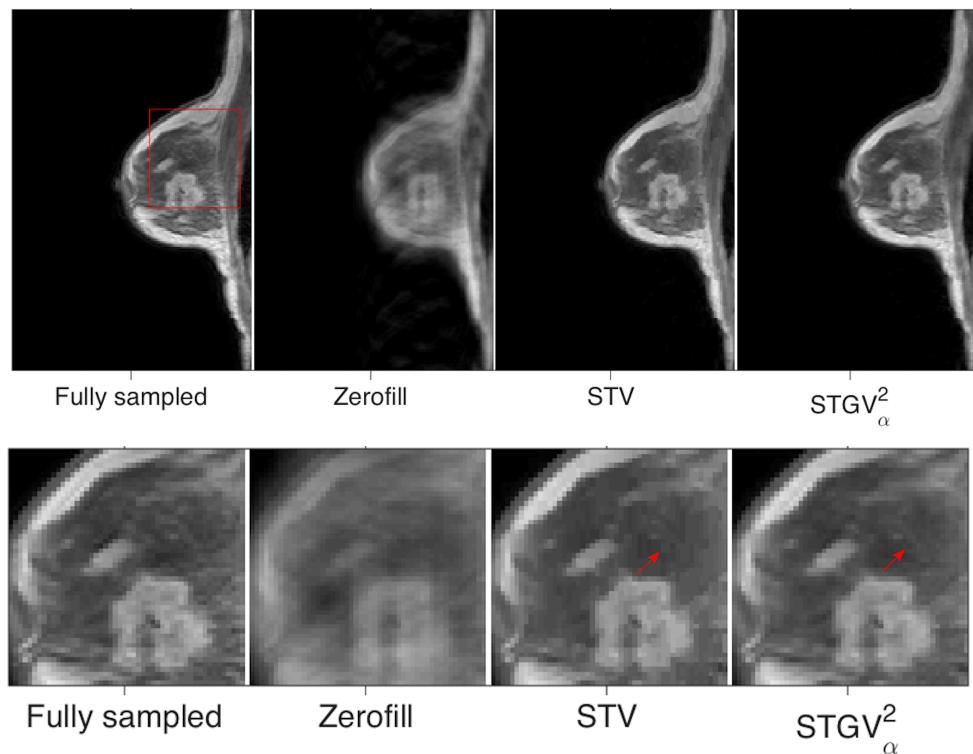


图 3.1 TV 与  $TGV_{\alpha}^2$  在空间阶梯效应上的比较。其中第二行的图为第一行图像的红框内放大的图像。注意到在 TV 重建中产生了阶梯效应，而在  $TGV_{\alpha}^2$  中有所抑制。

模型将图像分解为稀疏部分与低秩部分， $TGV_{\alpha}^2$  用来约束图像空间方向的稀疏性，核范数用来约束图像时间方向的稀疏性。下面我们引入 Primal-Dual 来求解  $TGV+NN$ ，并与其它经典的模型进行对比。

### 3.2 TGV+NN 的 Primal-Dual 算法

在这一节，我们 Primal-Dual 算法来求解模型 TGV+NN，并给出算法流程。Primal-Dual 算法<sup>[22]</sup> 是用于求解反问题的快速算法，被广泛应用于图像处理模型中。下面我们将推导算法流程。

首先我们来回顾一下  $\text{TGV}_\alpha^2$  的离散格式。对于图像  $x \in C^{mn}$ ，其  $\text{TGV}_\alpha^2$  的定义如下：

$$\text{TGV}_\alpha^2(u) = \arg \min_v \alpha_1 \|\nabla u - v\|_1 + \alpha_0 \|\mathcal{E}(v)\|_1 \quad (3.8)$$

这里  $v \in C^{2mn}$  是离散复值向量场， $\nabla x = (\nabla_x u_1, \nabla_x u_2)$  一阶有限差分算子， $\mathcal{E}(v) = (\nabla v + \nabla v^T)/2$ ， $\alpha = (\alpha_0, \alpha_1)$  是二阶对称导数算子。

将定义3.8代入模型3.7的得到：

$$\min_{L,S,V} \frac{1}{2} \|A(L+S) - B\|_2^2 + \alpha_1 \|\nabla S - V\|_1 + \alpha_0 \|\mathcal{E}(V)\| + \beta \|L\|_* \quad (3.9)$$

根据 Fenchel-Rockafellar 对偶<sup>[68]</sup>，将上式写成鞍点形式：

$$\min_{L,S,V} \max_{p,q,r,l} \langle \nabla S - V, p \rangle + \langle \mathcal{E}(V), q \rangle + \langle L, l \rangle + \langle A(L+S) - B, r \rangle - \frac{1}{2} \|r\|_F^2, \quad (3.10)$$

其中  $p, q, r, l$  分别为一阶项、二阶项、核范数和数据项的对偶变量，并且

$$\begin{aligned} p &\in P = \{p \in C^{2mnd}, \|p\|_\infty \leq \alpha_1\} \\ q &\in Q = \{q \in C^{3mnd}, \|q\|_\infty \leq \alpha_0\} \\ r &\in R = \{r \in C^{mnd}, \|r\|_2 \leq \beta\} \end{aligned} \quad (3.11)$$

这里我们使用了空间步长为 1 的向前向后差分算子，定义如下：

$$\begin{aligned} (\partial_x^+ u)_{i,j} &= \begin{cases} u_{i+1,j} - u_{i,j}, & 1 \leq i < m, \\ 0, & i = m, \end{cases} \\ (\partial_y^+ u)_{i,j} &= \begin{cases} u_{i,j+1} - u_{i,j}, & 1 \leq j < n, \\ 0, & j = n, \end{cases} \end{aligned}$$

和

$$(\partial_x^- u)_{i,j} = \begin{cases} u_{1,j}, & i = 1, \\ u_{i,j} - u_{i-1,j}, & 1 < i < m, \\ -u_{m-1,j}, & i = m, \end{cases}$$

$$(\partial_y^- u)_{i,j} = \begin{cases} u_{i,1}, & j = 1, \\ u_{i,j} - u_{i,j-1}, & 1 < j < n, \\ -u_{i,n-1}, & j = n. \end{cases}$$

则梯度  $\nabla$ 、二阶对称导数  $\mathcal{E}$  和在适当的边界条件下它们对应的散度算子为:

$$\nabla : C^{mnd} \rightarrow C^{2mnd}, \quad \nabla u = \begin{pmatrix} \partial_x^+ u \\ \partial_y^+ u \end{pmatrix},$$

$$\mathcal{E} : C^{2mnd} \rightarrow C^{3mnd}, \quad \mathcal{E}(v) = \begin{pmatrix} \partial_x^+ v_1 \\ \partial_y^+ v_2 \\ \frac{1}{2}(\partial_y^+ v_1 + \partial_x^+ v_2) \end{pmatrix},$$

和

$$\text{div} : C^{2mnd} \rightarrow C^{mnd}, \quad \text{div} v = \partial_x^- v_1 + \partial_y^- v_2,$$

$$\text{div}_2 : C^{3mnd} \rightarrow C^{mnd}, \quad \text{div}_2 w = \begin{pmatrix} \partial_x^- w_1 + \partial_y^- w_3 \\ \partial_x^- w_3 + \partial_y^- w_2 \end{pmatrix}.$$

根据散度算子是梯度算子的负共轭，则  $\nabla^* = -\text{div}$  和  $\mathcal{E}^* = -\text{div}_2$  成立。若定义离散形式的  $\text{TGV}_\alpha^2(u)$ , 还需如下的  $L^1$  和  $L^\infty$  范数

$$u \in C^{mnd} : \|u\|_1 = \sum_{(i,j) \in \Omega} |u_{i,j}|,$$

$$\|u\|_\infty = \max_{(i,j) \in \Omega} |u_{i,j}|,$$

$$v \in C^{2mnd} : \|v\|_1 = \sum_{(i,j) \in \Omega} (v_{1i,j}^2 + v_{2i,j}^2)^{1/2},$$

$$\|v\|_\infty = \max_{(i,j) \in \Omega} (v_{1i,j}^2 + v_{2i,j}^2)^{1/2},$$

$$w \in C^{3mnd} : \|w\|_1 = \sum_{(i,j) \in \Omega} (w_{1i,j}^2 + w_{2i,j}^2 + 2w_{3i,j}^2)^{1/2},$$

$$\|w\|_\infty = \max_{(i,j) \in \Omega} (w_{1i,j}^2 + w_{2i,j}^2 + 2w_{3i,j}^2)^{1/2}.$$

为了求解这个鞍点问题，我们需要将对偶变量向对偶空间做投影。定义投影算子：

$$\begin{aligned}\mathcal{P}_{\alpha_0}(p) &= p/\max(1, \frac{|p|}{\alpha_0}) \\ \mathcal{P}_{\alpha_1}(q) &= q/\max(1, \frac{|q|}{\alpha_1}) \\ \mathcal{P}_\beta(r) &= r/\max(1, \frac{|r|}{\beta})\end{aligned}\quad (3.12)$$

定义临近点算子：

$$\begin{aligned}\text{prox}_\sigma(r) &= \arg \min_r \frac{\|r' - r\|^2}{2\sigma} + \frac{\lambda}{2} \|r'\|^2 \\ \Rightarrow \text{prox}_\sigma(r) &= r/(1 + \sigma)\end{aligned}\quad (3.13)$$

于是 TGV+NN 的 Primal-Dual 算法流程如表??所示。

---

### Algorithm: TGV+NN 的 Primal-Dual 算法

---

**初始化：**选择  $\sigma, \tau, S_0, L_0$ , 令  $L_0 = (A)^*B, S_0 = 0$

**迭代：**根据以下步骤更新参数

$$\begin{aligned}p^{n+1} &= \mathcal{P}_{\alpha_1}(p^n + \sigma(\nabla \bar{S}^n - \bar{V}^n)) \\ q^{n+1} &= \mathcal{P}_{\alpha_0}(q^n + \sigma \mathcal{E}(\bar{V}^n)) \\ l^{n+1} &= \mathcal{P}_\beta(l^n + \sigma \bar{L}_n) \\ r^{n+1} &= (r^n + \sigma(A(\bar{L}^n + \bar{S}^n) - B))/(1 + \sigma) \\ S^{n+1} &= S^n - \tau(A^*r^{n+1} - \text{div}_1 p^{n+1}) \\ V^{n+1} &= V^n + \tau(\text{div}_2 q^{n+1} + p^{n+1}) \\ L^{n+1} &= L^n - \tau((A)^*r^{n+1} + l^{n+1}) \\ \bar{S}^{n+1} &= 2S^{n+1} - S^n \\ \bar{V}^{n+1} &= 2V^{n+1} - V^n \\ \bar{L}^{n+1} &= 2L^{n+1} - L^n\end{aligned}$$

直至收敛，返回  $L + S$

---

## 3.3 实验方法

### 3.3.1 对比的模型

在这个部分，我们将提出的模型 TGV+NN 其他经典模型进行比较。我们主要对比了两大类的模型，即 L+S 和 L&S。其中 L&S 的模型有 TTV&NN, TV&NN, k-t SLR<sup>[35]</sup>(3DTV&NN) 和 TGV&NN。L+S 的模型有 TTV+NN<sup>[37]</sup>, TV+NN, 3DTV+NN 和我们提出的模型 TGV+NN。

### 3.3.2 实验数据

我们选择了三组动态 MR 的数据来进行回顾性的实验。为了更好地和 k-t SLR 进行的对比，前两组数据我们选择了其文章里使用的数据。分别为 Physiologically Improved Nonuniform Cardiac Torso (PINCAT) 的体模数据和活体心脏灌注数据 (*in vivo* cardiac perfusion)。具体成像的细节请参考<sup>[35,69,70]</sup>。其大小分别为  $128 \times 128 \times 50$  和  $190 \times 90 \times 70$ 。

除了以上两组数据之外，我们也将提出的模型使用在活体胸部 DCE-MRI 数据上。这些数据都来自于不同的病人，并经过了机构审查委员会的批准。其中第一组胸部数据的维度为  $192 \times 192 \times 10 \times 105$ ，其中相位编码和频率编码均为 192，切片数量为 10，动态数量为 105。其他的胸部数据数据的维度为  $192 \times 192 \times 20 \times 25$ ，其中相位编码和频率编码均为 192，切片数量为 20，动态数量为 25。在实际操作中，我们仅选择了中间位置的切片，并且切除了心脏的部分以增加图像的稀疏性。最终图像的维度为  $192 \times 128 \times 25$ 。

### 3.3.3 采样模式

在实验中我们使用了伪径向采样模式，并研究在不同的采样率下模型的重建效果。在每一帧图像上，我们均匀地选取一些径向采样线，并使得帧与帧之间的采样线随机转动一个角度，最终覆盖着整个 k-t space。图3.2伪径向采样的其中一帧的采样模式。在本章的实验中，如无特别说明，均选择了 32 条径向采样线。

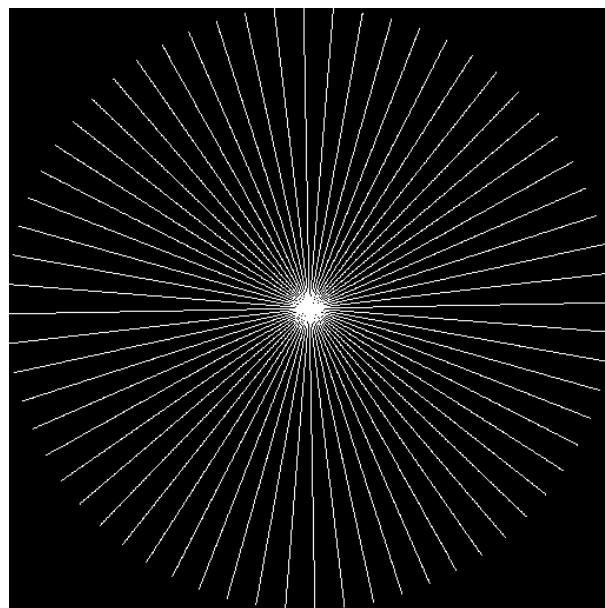


图 3.2 伪径向采样模式 (一帧)。

### 3.3.4 程序运行

所有模型均使用 Primal-Dual 算法求解。在 TV 模型中，我们设定  $\alpha = 0.004$ ；在 TGV 模型中，我们设定  $\alpha_0 = 0.008, \alpha_1 = 0.004$ 。 $\beta$  均为 0.5，迭代次数均为 500 次。所有程序均在配置了 Intel Core i7 (2.4GHz) 处理器和 8GB 内存的 MacBook Pro 上测

试，软件是 MATLAB R2017b。质量评价标准为增强信噪比 (SER) 和结构相似性测度 (SSIM)。

### 3.4 实验结果与分析

表3.1展示了在伪径向采样的模式下，8 中不同模型在不同数据上重建的结果的比较。可以看出 L+S 的模型从整体上比 L&S 的模型的信噪比高，结构相似度也更准确。虽然 k-t SLR 在 PINCAT 数据上的表现很好，达到了最高的 SSIM(0.9935)，但其在胸部 DCE-MRI 中的表现很差，在信噪比方面平均比我们的模型低 3~4dB。TTV+NN 的结果介于两种模型之间。

图3.3展示了 L+S 模型重建图像 (某一帧)。可以看出，TTV+NN 和我们提出的模型都可以很好地分离背景和前景，说明了模型的有效性。从稀疏分解图中的红色箭头可以看出，TTV+NN 的重建图像中还残留着伪影，而我们提出的模型则很好地抑制了伪影，同时也保持了边缘的清晰。从低秩分解图的蓝色箭头可以看出，TTV+NN 造成了心脏或者肿瘤区域的模糊，导致低信噪比。

图3.4展示了 L&S 和 L+S 两类模型 PINCAT 数据的重建结果 (第一帧)。视觉上可以看出 L+S 模型的残差在整体上比 L&S 模型小，而且 L&S 模型在整体上是的重建图像过平滑，并且在图像的边缘部分重建效果很差。图3.4(上) 可以看出 k-t SLR 在肺部的光滑区域存在着比较大的伪影 (蓝色箭头)，而图3.4(下) 中的蓝色箭头表明，TTV+NN 在心脏部分的重建效果很差。

图3.5展示了 L&S 和 L+S 两类模型 Cardiac 数据的重建结果 (第一帧)。和 PINCAT 数据的情况类似，k-t SLR 和 TTV+NN 的重建残差整体很大，尤其是在心脏边界部分 (蓝色箭头)。并且从图中的红色箭头可以看出，在心脏区域，TTV+NN 的伪影很大，并没有完全去除；而 k-t SLR 则产生了过平滑的效果。

图3.6, 3.7, 3.8展示了 L&S 和 L+S 两类模型在三种胸部 DCE-MRI 数据上的重建结果 (第一帧)。从表3.1中我们得知，在胸部 DCE-MRI 数据上，L+S 的模型在信噪比和 SSIM 上的表现都高于 L&S。从视觉上看，L&S 模型在胸部边界区域重建误差大 (蓝色箭头)，并且在胸部有过平滑的现象，图像的纹理保持效果也很差。这说明，我们的模型更适用于胸部 DCE-MRI 图像。

为了更好地观察重建图像在时间方向的表现，我们在图3.9显示了 Cartiac 不同帧的图像。结果显示了我们提出的模型在去除空间伪影、保持图像边缘和时间演化上的优势。从绿色箭头可以看出，TTV+NN 的重建图像在空间上残留有伪影。这是因为 TTV+NN 只利用到了时间方向的稀疏性，而并没有利用空间的稀疏性。而 k-t SLR 虽然去除了伪影，但也造成了图像边界模糊，形成了运动伪影 (红色箭头)。这是由于 TV 算子的容易导致过平滑所造成的。另外，蓝色箭头也表明，k-t SLR 在时间方向上也存在过平滑的效应。

表 3.1 伪径向采样模式下 8 中不同模型在不同数据上压缩感知重建结果的比较

Models \ Datesets		PINCAT	Cardiac	Breast No.1	Breast No.2	Breast No.3
TTV&NN	SER	30.66	18.45	28.95	28.17	26.93
	SSIM	0.9862	0.9483	0.9895	0.9691	0.9769
TV&NN	SER	32.12	18.30	26.71	24.80	23.95
	SSIM	0.9935	0.9457	0.9863	0.9569	0.9663
3DTV&NN	SER	31.42	18.26	26.99	25.45	24.44
	SSIM	<b>0.9935</b>	0.9452	0.9873	0.9627	0.9706
TGV&NN	SER	31.81	18.22	26.53	24.84	24.02
	SSIM	0.9921	0.9450	0.9857	0.9570	0.9668
TTV+NN	SER	29.05	18.72	29.67	29.12	28.11
	SSIM	0.9617	0.9455	0.9848	0.9697	0.9769
TV+NN	SER	32.29	19.71	30.46	29.28	28.84
	SSIM	0.9849	0.9546	0.9922	0.9756	0.9830
3DTV+NN	SER	32.24	<b>19.77</b>	30.50	29.25	28.65
	SSIM	0.9829	0.9533	0.9918	0.9746	0.9822
Proposed	SER	<b>32.53</b>	19.72	<b>30.53</b>	<b>29.32</b>	<b>28.89</b>
	SSIM	0.9852	<b>0.9546</b>	<b>0.9922</b>	<b>0.9759</b>	<b>0.9832</b>

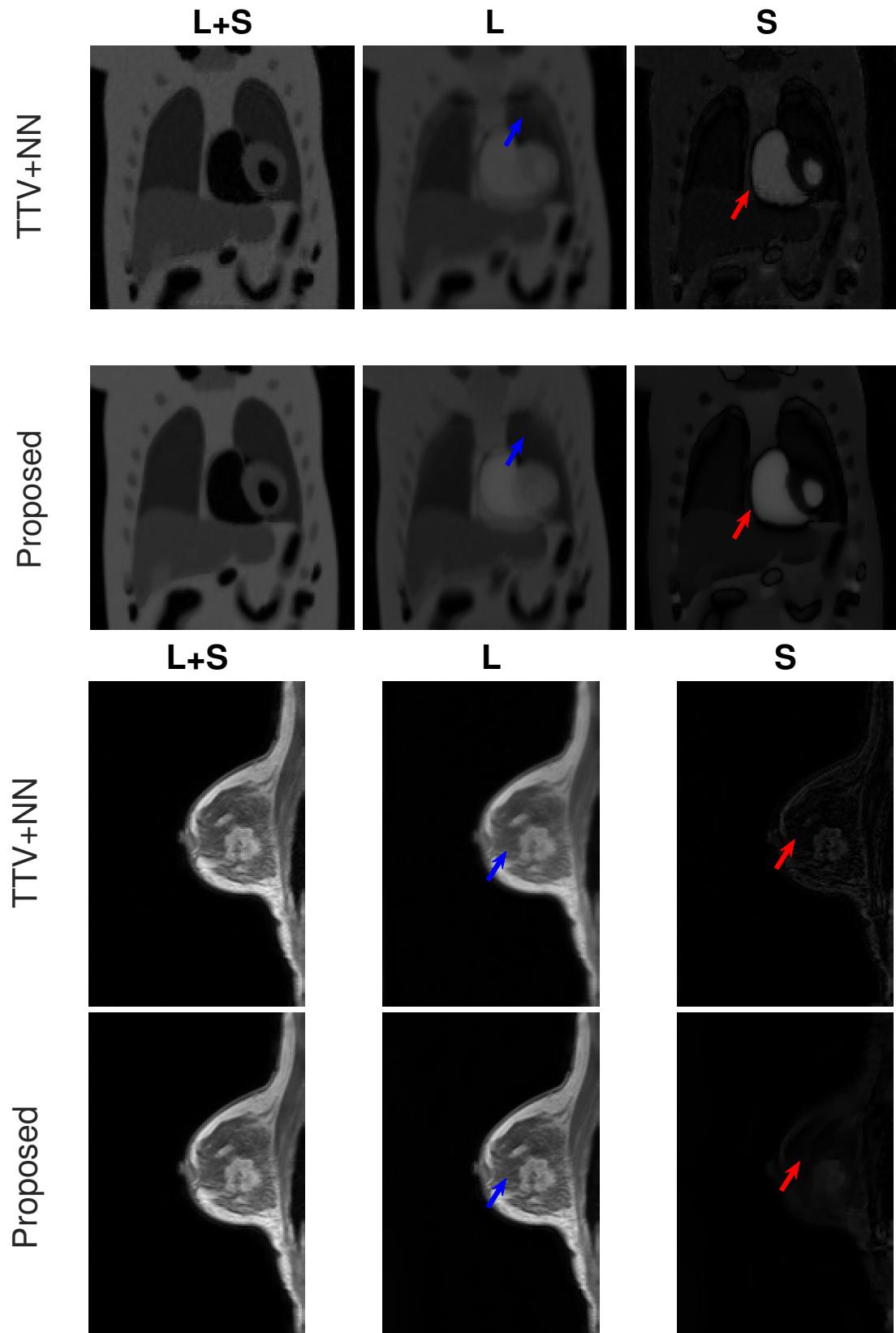


图 3.3 TTV+NN 与 TGV+NN 重建结果分解图。PINCAT(上); Breast No.1(下)。

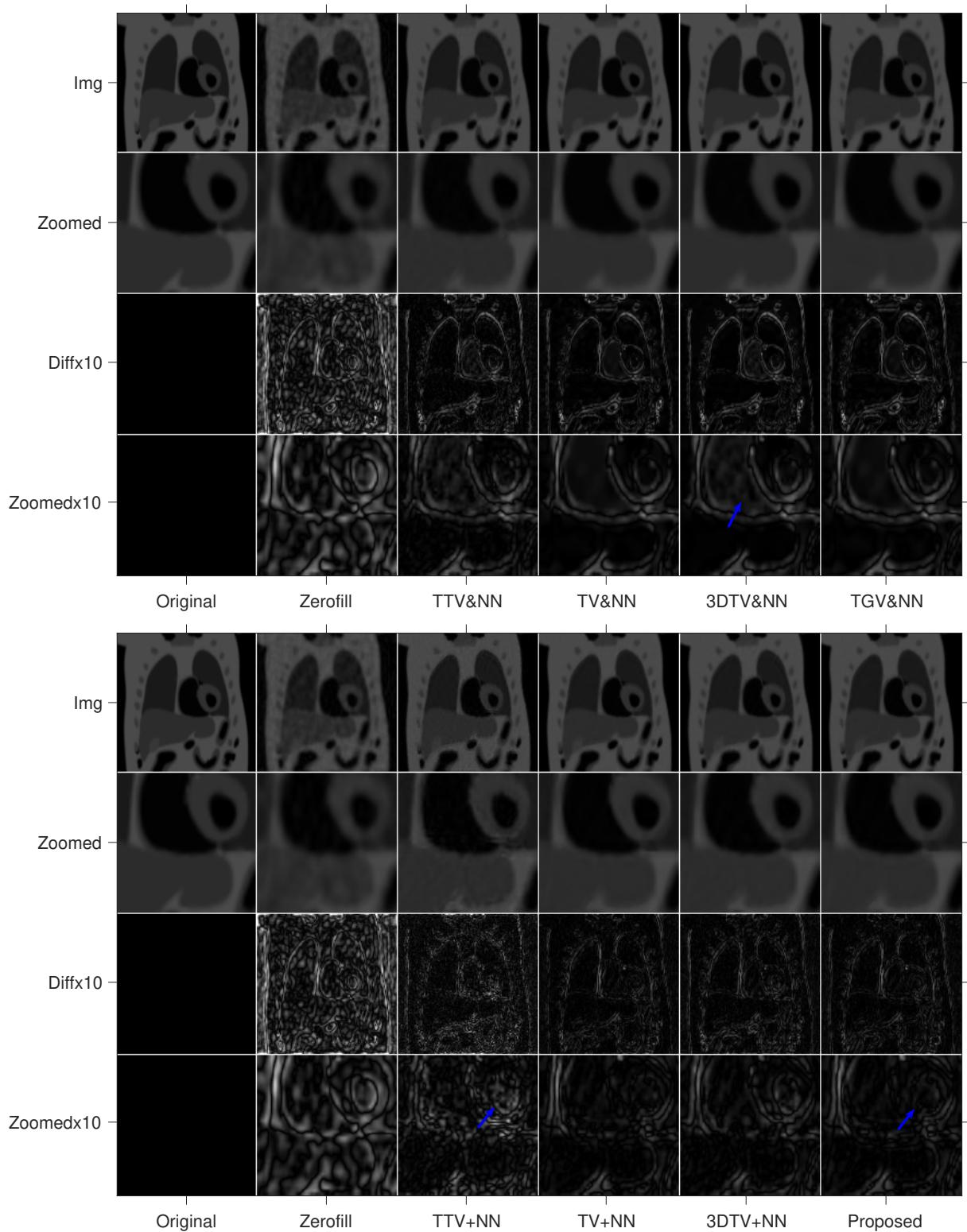


图 3.4 PINCAT 数据的重建结果。L&S 模型 (上); L+S 模型 (下)。

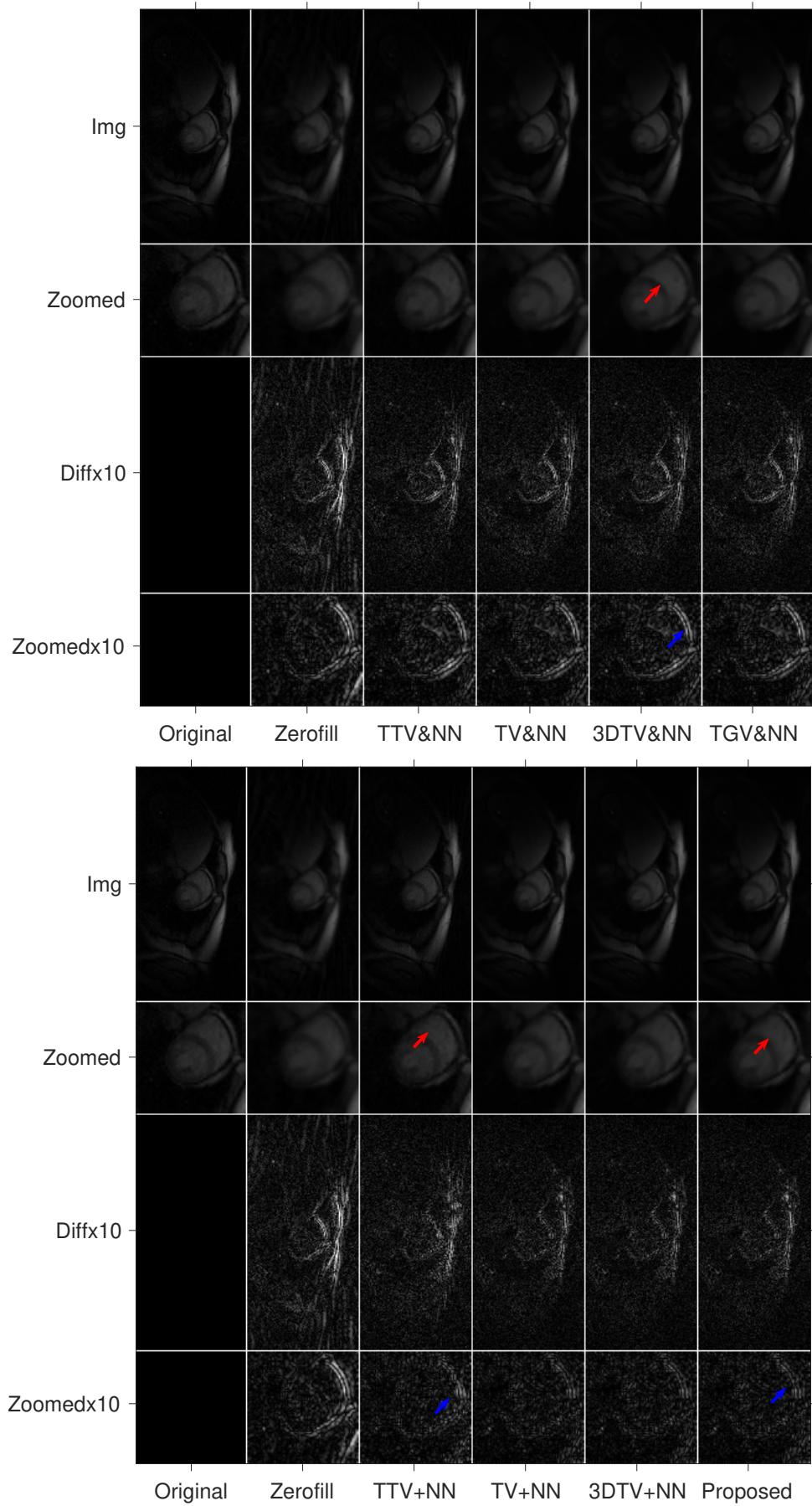


图 3.5 Cardiac 数据的重建结果。L&amp;S 模型 (上); L+S 模型 (下)。

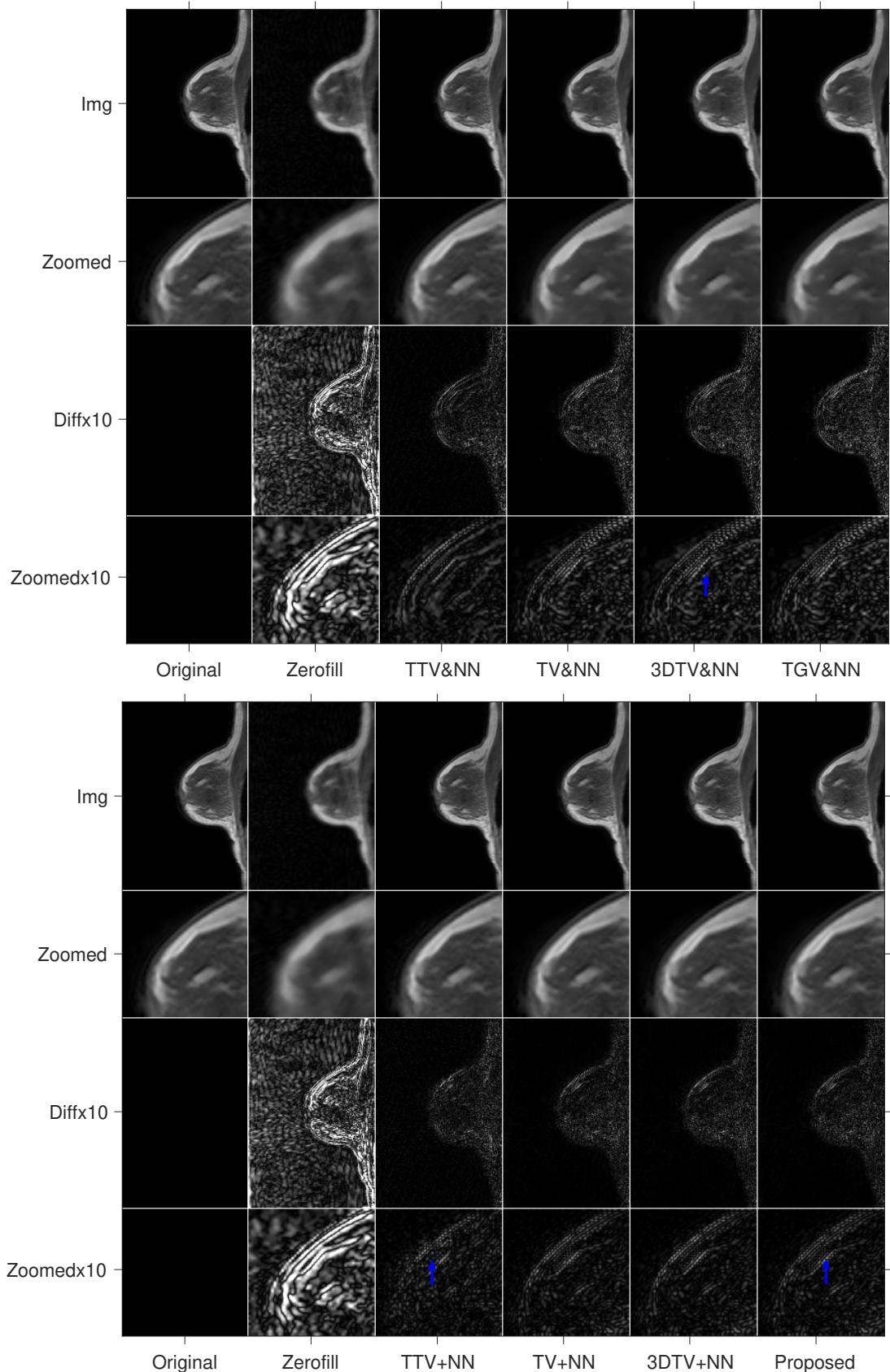


图 3.6 Breast No.1 数据的重建结果。L&S 模型 (上); L+S 模型 (下)。

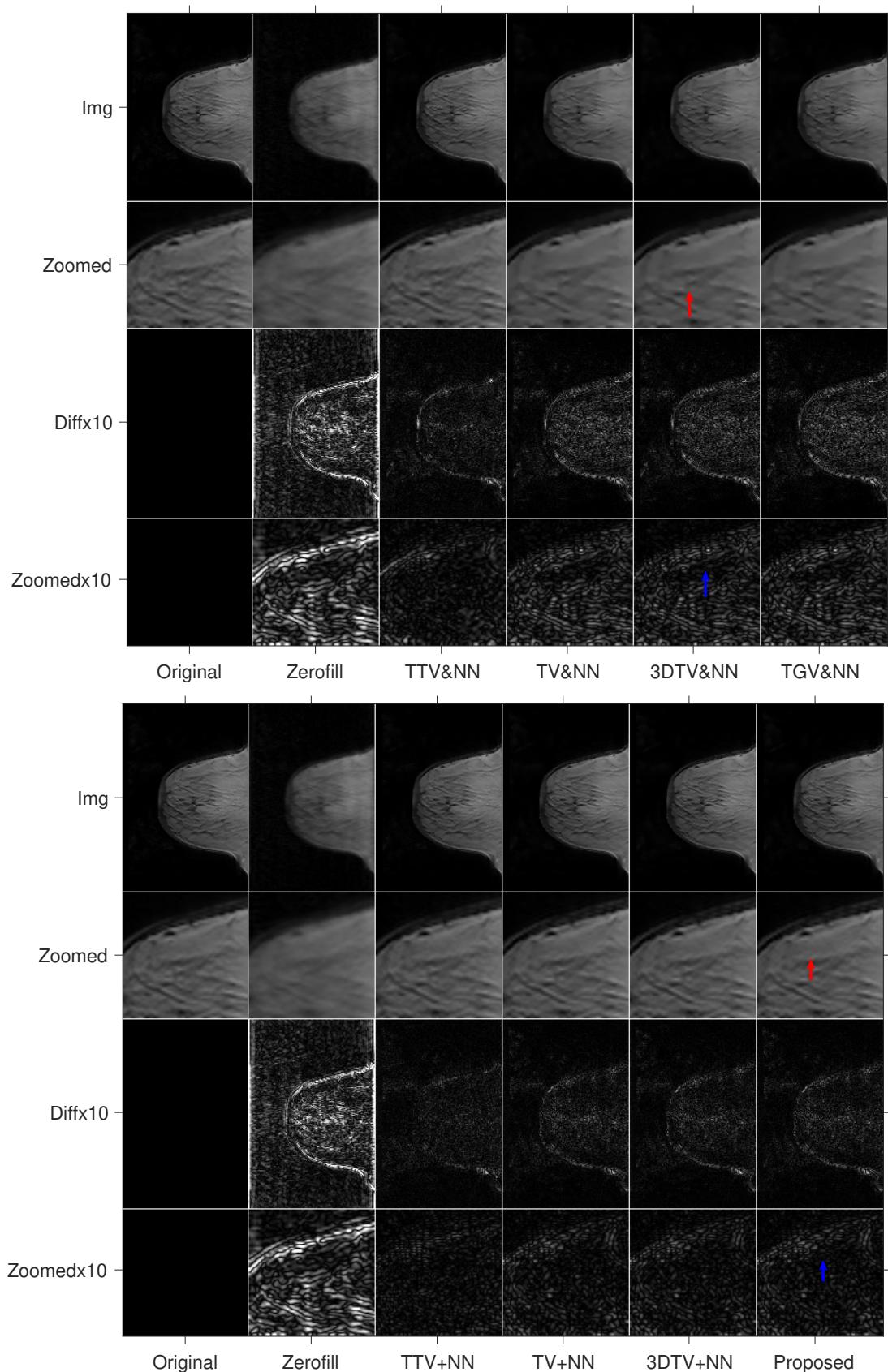


图 3.7 Breast No.2 数据的重建结果。L&S 模型 (上); L+S 模型 (下)。

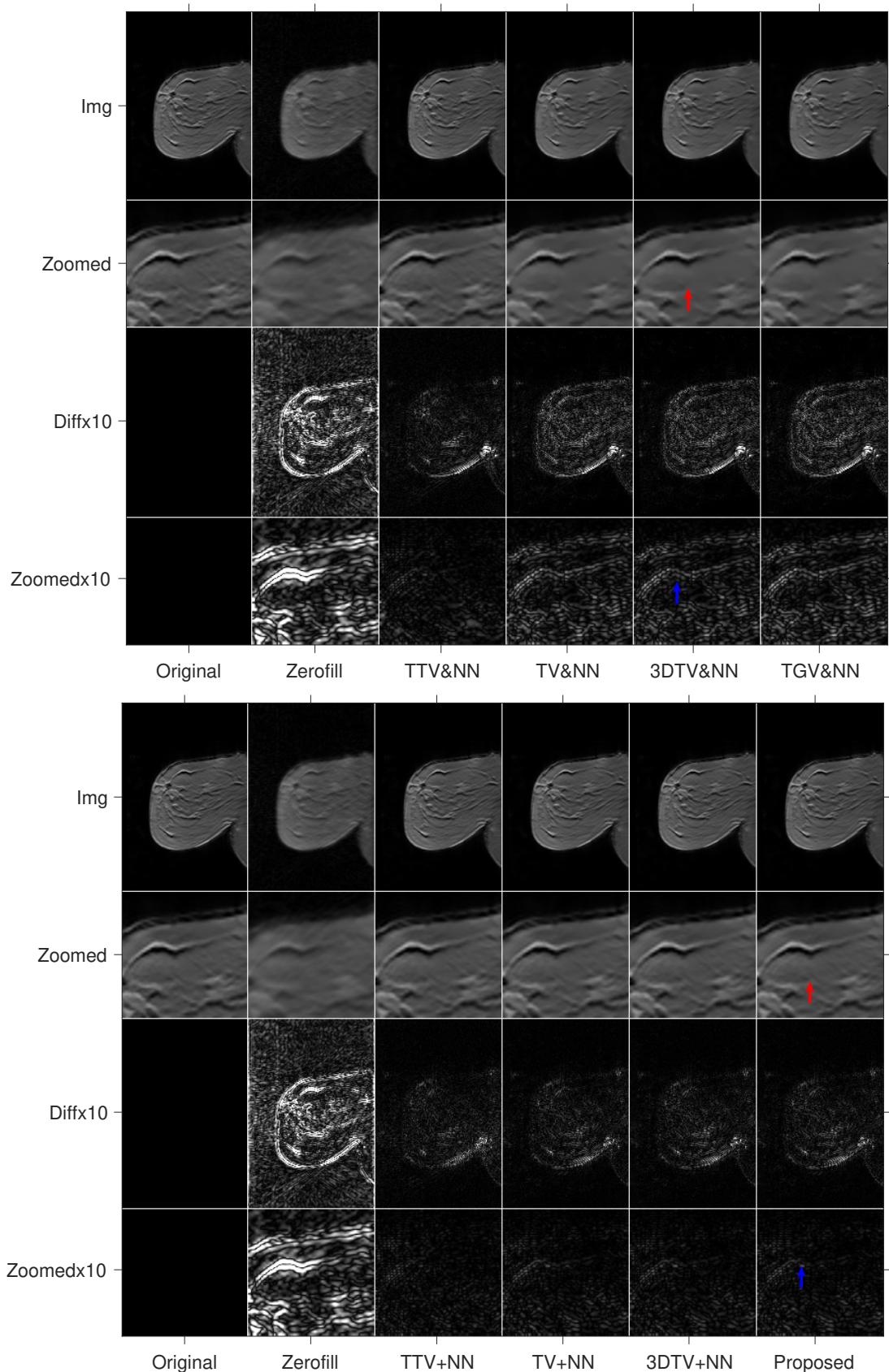


图 3.8 Breast No.3 数据的重建结果。L&S 模型 (上); L+S 模型 (下)。

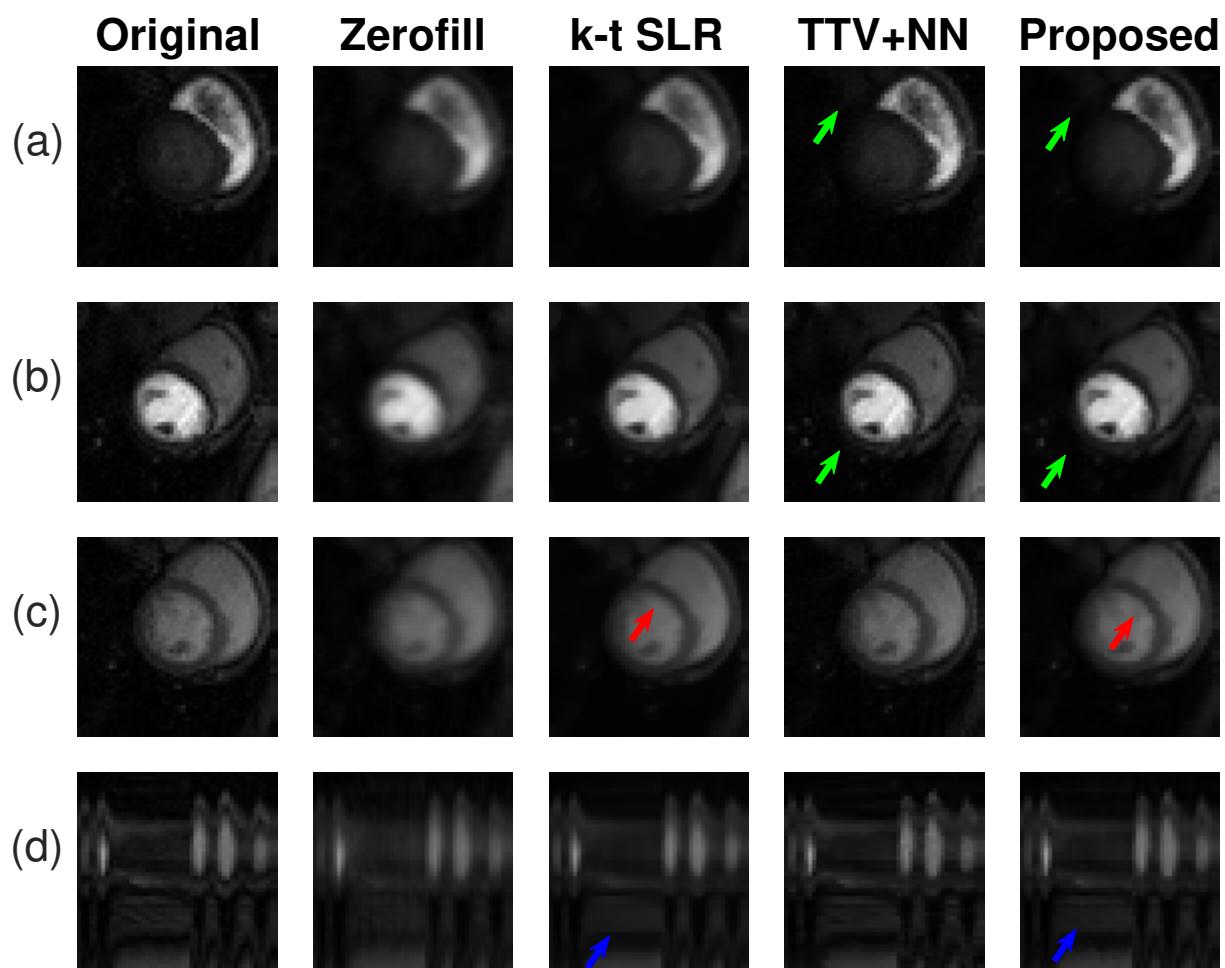


图 3.9 Cartiac 重建图像比较。(a) 第 11 帧图像; (b) 第 21 帧图像; (c) 第 54 帧图像。 (d) 通过心脏中心的一列在时间上的演化图像。

### 3.5 本章小结

在本章中，我们首先回顾了动态 MR 压缩感知的经典模型，并提出了利用图像分解思想将图像分解为  $TGV_{\alpha}^2$  和核范数的模型。相比于 k-t SLR 和 TTV+NN，我们的模型可以很好地消除空间伪影，保持图像边缘并且在时间上消除运动伪影（心脏图像）。而且，我们的模型尤其适用于重建胸部 DCE-MRI 图像，可以用于 DCE-MRI 的定量分析。



## 4 胸部 DCE-MRI 压缩感知模型中时间稀疏项的量化评估

磁共振动态对比增强涉及注入顺磁对比剂 (CA) 期间和之后连续采集  $T_1$  加权 MR 图像<sup>[71]</sup>。对比剂通过改变组织固有的驰豫率来增加不同组织之间的对比度。在序列图像中，每个图像体素都会产生一个强度时间曲线，可以用于估计生理参数，例如体积转移常数 ( $K^{trans}$ ) 和血管外细胞体积分数 ( $v_e$ ) 等。高时间分辨率和高空间分辨率都有利于 DCE-MRI，高时间分辨率有利于精确地定量分析，而高空间分辨率有助于医生的临床阅读。但是，对重复高信噪比图像的要求限制了传统数据采集方法同时提高时间和空间分辨率。

为了加速动态 MR 成像，一种常用的方法来平衡空间和时间分辨率之间的权衡是在每一帧图像上进行下采样。许多成功的算法都用到了这个想法，如 keyhole<sup>[72]</sup>, k-t FOCUSS (FOcal Underdetermined System Solver)<sup>[73]</sup>, k-t BLAST (Broad-use Linear Acquisition Speed-up Technique) 和 k-t SENSE (SENSitivity Encoding)<sup>[74]</sup>。但是，这些方法所重建的图像通常信噪比低，而且在高下采样率时有严重的伪影。

压缩感知是一种加速 MR 成像的新方法<sup>[10,11]</sup>。压缩感知可以从比传统加速方法少的 Fourier 数据中精确地重建出 MR 图像，从而减轻数据获取的负担，加速成像。根据压缩感知的理论，MR 图像的重建可以建模为一个约束优化问题。这个优化模型一般分为两项，一项是数据项，另一项是稀疏项。数据项保证了重建后的图像与采集到的下采样数据的一致性，而稀疏项则假设图像在某个变换域下存在稀疏表示。对于动态图像而言，由于图像中的大部分在时间上是保持不变的，因此最显著的冗余（即稀疏性）经常是在时间方向上。

压缩感知在癌症 MRI 中有着很大的应用潜力<sup>[75]</sup>，因为很多癌症 MRI 的协议都是动态的。目前，压缩感知在动态 MRI 中已经有很多成功的应用，如 k-t SPARSE, k-t SLR (Sparse and Low Rank) and iGRASP (Golden-angle RAdial Sparse Parallel MRI)。比如，Han 等展示了基于压缩感知加速的 Cartesian 采样 FLASH (Fast low angle shot)<sup>[76]</sup> 序列在动物模型的 DCE-MRI 时空分辨率的增强。Chen<sup>[77]</sup> 等比较了压缩感知重建中 4 种不同时间方向 TV 项的效果，并且将其应用在胸部 DCE-MRI 中。Ji 和 Lang<sup>[78]</sup> 使用时间方向的差分算子来增强空间信号的分辨率。Smith<sup>[79,80]</sup> 等展示了空间方向的 TV 稀疏项在大量随机生成的采样方案中量化参数的预期方差。虽然压缩感知已经应用于胸部 DCE-MRI 中，但是目前还没有研究通过量化分析的方式来比较不同时间方向的稀疏项在 DCE-MRI 中的表现。因此，对于定量胸部 DCE-MRI，不同时间方向的稀疏项对重建误差的影响是未知的。

在压缩感知应用于临床肿瘤成像之前，其可靠性和准确性的研究是必要的。本篇论文的主要目的是通过量化分析的方式来比较和评估 5 中不同的时间方向的稀疏项，它

们分别是：

- (1) 傅里叶变换的  $l_1$  范数 ( $l_1$ -norm of the Fourier transform, FT),
- (2) 希尔小波变换的  $l_1$  范数 ( $l_1$ -norm of the Haar Wavelet transform, WT),
- (3) 全变差 (Total Variation, TV)
- (4) 二阶 TGV (Second Order TGV,  $\text{TGV}_\alpha^2$ ),
- (5) 核范数 (Nuclear Norm, NN)。

我们假设这些稀疏项在基于压缩感知重建中的表现是不同的，即重建图像的信噪比和组织参数的准确性会有差异。

## 4.1 图像重建模型

我们将重建的动态图像记为  $X \in C^{m \times n \times d}$ , 其中空间方向的维度为  $m \times n$ , 而时间方向的维度为  $d$ 。则带噪声的动态 MR 采样相当于：

$$B = AX + \epsilon,$$

其中  $A = M \cdot \mathcal{F}$  是测量矩阵,  $\mathcal{F}$  是对于每一帧图像的二维傅里叶变换,  $M$  是每一帧图像的下采样矩阵,  $\epsilon$  为高斯白噪声。于是动态 MR 的压缩感知即是从下采样数据  $B$  中恢复出  $X$ , 其重建模型为：

$$\hat{X} = \arg \min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|_F^2 + \alpha S(X), \quad (4.1)$$

其中  $\alpha > 0$  是平衡数据项和稀疏项的参数,  $F$  是 Forbenius 范数, 而  $S$  是上一节提到的不同的时间方向的稀疏项。极小化  $S(X)$  可以保证重建图像的稀疏性, 而极小化数据项可以保证数据的一致性。

### 4.1.1 傅里叶变换的 $l_1$ 范数

动态 MRI 经常在时间方向上表现出冗余性, 有时这种冗余表现为周期性, 因此时间方向上的一维傅里叶变换可以对信号进行稀疏表示。信号越是表现出周期性, 其傅里叶变换就越稀疏。并且由于下采样的去噪效应, 一个非周期性的带噪信号在傅里叶域也是可压缩的。比如, 在心脏电影成像中 (Cardiac Cine Imaging), 由于心脏搏动的周期性, 图像可以很好地用时间方向的傅里叶变换进行稀疏表示。在 k-t SPARSE<sup>[33]</sup> 中, 作者使用了空间上的小波变换和时间上的傅里叶变换作为压缩感知重建的稀疏项。记  $\mathcal{F}_t$  为一维时间上的傅里叶变换, 我们可以得到模型:

$$\hat{X} = \arg \min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|_F^2 + \alpha \|\mathcal{F}_t X\|_1, \quad (4.2)$$

### 4.1.2 希尔小波变换的 $l_1$ 范数

小波变换是基于压缩感知重建中常用的稀疏表示。对于 MR 图像而言, 希尔小波有两个感兴趣特征。第一, 分片常数的信号在希尔小波的表示下是稀疏的。第二, 希尔小波

变换和 MR 图像的采集域，即傅里叶变换有着高非相干性。根据压缩感知理论，这意味着对于给定的下采样率，希尔小波变换可以获得更好的重建图像。比如，k-t SPARSE<sup>[33]</sup> 将空间小波变换成功地应用在了心脏电影成像中。记  $W_t$  为一维时间方向的希尔小波变换，我们可以得到模型：

$$\hat{X} = \arg \min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|_F^2 + \alpha \|W_t X\|_1, \quad (4.3)$$

#### 4.1.3 全变差

在压缩感知应用在 MR 成像的第一篇文章中，Lustig<sup>[81]</sup> 在模型中使用了 TV 作为图像的稀疏表示。离散 TV 算子将时间和空间上的差分算子进行加权组合，本质上是将图像用梯度进行稀疏表示。TV 最初被应用于图像去噪中<sup>[82]</sup>，最近也经常应用于压缩感知重建中。离散 TV 算子和傅里叶域有着最大的非相干性，因此，对于给定的下采样率，会比其他稀疏表示得到更好的重建图像。但实际上，使用 TV 作为稀疏项经常会导致重建后的图像出现所谓的“阶梯效应”。这是因为真实的 MR 图像中并不是完美的分片常数，而是存在高阶信息。当这些高阶信息用分片常数函数来刻画时，在重建的过程中，为了使得图像在梯度域中稀疏，最小的梯度系数会被减小到 0，因此会损失很多高阶信息，从而出现阶梯效应。

TV 或者有限差分最早被应用于图像去噪中，而最近也在动态 MR 的压缩感知重建中受到了广泛的关注。在 k-t SLR<sup>[35]</sup> 中，作者使用了三维 TV 变换：

$$\|\cdot\|_{\text{TV}} = \sqrt{(\nabla_x \cdot)^2 + (\nabla_y \cdot)^2 + (\nabla_t \cdot)^2}, \quad (4.4)$$

其中  $\nabla_x$ ,  $\nabla_y$  和  $\nabla_t$  分别为  $x$ ,  $y$  和  $t$  方向上的梯度算子。也有工作只使用了时间方向上的梯度算子就取得了很好的效果，如 DLTG 和 iGRASP。在本文中，我们仅考虑时间方向的梯度算子并评估以下模型的表现：

$$\hat{X} = \arg \min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|_F^2 + \alpha \|\nabla_t X\|_1. \quad (4.5)$$

#### 4.1.4 二阶 TGV

如上所言，有限差分算子可以很好地对 MR 图像进行稀疏表示，但是也会带来阶梯效应。因此，Bredies<sup>[59]</sup> 等提出了基于高阶导数信息的 TGV，更好地对图像中的高阶信息进行建模，消除阶梯效应。离散二阶 TGV 的定义如下：

$$\text{TGV}_\alpha^2(x) = \arg \min_v \alpha_1 \|\nabla x - v\|_1 + \alpha_0 \|\mathcal{E}(v)\|_1 \quad (4.6)$$

这里  $v$  属于离散复值向量场  $V \in C^{2mn}$ ,  $\nabla x = (\nabla_x x_1, \nabla_y x_2)$  一阶有限差分算子,  $\mathcal{E}(v) = (\nabla v + \nabla v^T)/2$  是二阶对称导数算子。

从定义中可以看出， $\text{TGV}_\alpha^2$  是 TV 的高阶推广，可以很好地保持图像一阶和二阶导数之间的平衡。因此  $\text{TGV}_\alpha^2$  比 TV 更适合建模图像中的光滑部分。在压缩感知模型中，

使用  $\text{TGV}_\alpha^2$  可以在保持边缘的同时减少阶梯效应。在本文中，我们只考虑时间方向的  $\text{TGV}_\alpha^2$ ：

$$\hat{X} = \arg \min_X \frac{1}{2\lambda} \|AX - B\|_F^2 + \text{TGV}_\alpha^2(X), \quad (4.7)$$

这里  $\nabla v = \nabla_t v$ ,  $v \in V \in \mathbb{C}^{mn \times d}$ .

#### 4.1.5 核范数

低秩矩阵补全的想法也被应用在动态 MR 重建中。这时我们将动态 MR 图像视为一个时空矩阵，每一帧图像则为时空矩阵中的一列。由于动态图像时间和空间上的相关性，这样的矩阵可以用低秩模型来刻画。因此，将压缩感知和地址矩阵补全结合在一起可以进一步加快成像速度。在 k-t SLR 中，作者在模型中使用了 TV 和核范数，并在体膜数据和心脏灌注数据中取得了显著的提高。核范数记为  $\|X\|_*$ ，是矩阵  $X$  所有奇异值的和。本文我们考虑如下模型：

$$\hat{X} = \arg \min_X \frac{1}{2} \|AX - B\|_F^2 + \alpha \|X\|_*. \quad (4.8)$$

## 4.2 图像重建算法

### 4.2.1 FISTA

在本文中，所有模型都使用 FISTA (Fast Iterative Shrinkage Thresholding Algorithm, 快速迭代阈值收缩算法) 进行求解。FISTA 是一种算子分裂算法，是压缩感知重建中常用的快速算法，可以有效地求解如下形式的模型：

$$\hat{x} = \arg \min_{x \in \mathbb{C}^n} f(x) + g(x), \quad (4.9)$$

其中， $f$  是光滑的凸函数，其 Lipschitz 常数为  $L_f$ ,  $g$  是凸函数，可能是非凸的。FISTA 的主要过程如 Table 4.1

表 4.1 FISTA 迭代步骤

---

#### FISTA: 快速迭代阈值收缩算法

---

**初始化:**  $\tau = 1/L_f, l, u, t^1 = 1, x^0 = r^1$

**迭代:** 根据以下步骤更新参数

$$\begin{aligned} x_g &= r^k - \tau \nabla f(r^k) \\ x^k &= \text{prox}_\tau(g)(x_g) \\ x^k &= \text{project}(x^k, [l, u]) \\ t^{k+1} &= (1 + \sqrt{1 + 4(t^k)^2})/2 \\ r^{k+1} &= x^k + [(t^k - 1)/t^{k+1}] (x^k - x^{k-1}) \end{aligned}$$

**直至收敛，返回  $x_g$ 。**

---

这里  $\text{prox}_\tau(g)(u)$  是函数  $g(x)$  在点  $x$  的临近算子，定义为：

$$\text{prox}_\tau(g)(u) = \arg \min_x g(u) + \frac{1}{2\tau} \|u - x\|_2^2 \quad (4.10)$$

而“project”是投影算子，定义为：

$$x = \text{project}(x, [l, u]) = \begin{cases} x, & \text{if } l \leq x \leq u; \\ l, & \text{if } x < l; \\ u, & \text{if } x > u \end{cases} \quad (4.11)$$

FISTA 中最重要的一步是找到高效的算法求解临近算子子问题。由于在压缩感知模型中，我们通常使用  $l_1$  范数作为稀疏项，临近点问题可以由软阈值收缩求解。比如，令  $g(u) = \|u\|_1$ ，则方程4.10变为：

$$\text{prox}_\tau(g)(u) = \arg \min_u \|u\|_1 + \frac{1}{2\tau} \|u - x\|_2^2. \quad (4.12)$$

则方程4.12的解为

$$u = \mathcal{T}_\tau(x), \quad (4.13)$$

其中软阈值算子  $\mathcal{T}_\tau : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  的定义为：

$$\mathcal{T}_\tau(u) = \max(0, x - \tau), \quad (4.14)$$

这里“max”是极大值算子，返回值是两个元素中最大的一个。

当  $g(u)$  为 TV 或者  $\text{TGV}_\alpha^2$  时，临近点问题不能用简单地软阈值收缩进行求解，因此我们用 primal-dual 算法进行求解。

#### 4.2.2 模型参数选择

压缩感知模型中，参数的选择是至关重要的，因为只有在每个模型都达到最优解时的比较才是有意义的。在本文的实验中，所有胸部 DCE-MRI 数据都被缩放到  $[0,1]$ ，这样有助于简化调参。表4.2显示了以上所有模型所用的参数。其中  $\alpha$  是稀疏项  $S(x)$  的权重，“iter”是算法的迭代次数， $\sigma$ ， $\tau$  和  $\lambda$  分别是 TV 或  $\text{TGV}_\alpha^2$  模型中，一阶迭代步长、二阶迭代步长和数据项的权重。参数的调节方法如下：我们从很低的权重开始 ( $\alpha = 10^{-5}$ ) 并且逐步增加权重的大小直到在视觉上从重建的图像中消失。在每一步迭代中，我们跟踪连续两次输出图像的相对差值，直到其小于预设的阈值 ( $10^{-3}$ )。

表 4.2 模型参数

稀疏项	$\alpha$	iter	$\sigma$	$\tau$	$\lambda$
FT	0.059	35	-	-	-
WT	0.008	60	-	-	-
TV	0.5	100	0.2	0.2	0.5
TGV $^2_{\alpha}$	0.5	100	0.2	0.2	0.5
NN	0.3	40	-	-	-

## 4.3 实验方法

### 4.3.1 数据采集

我们回顾性地将所有模型应用于活体胸部 DCE-MRI 数据上，这些数据经过了机构审查委员会的批准。数据使用 Philips 公司的 Achieve 3T 扫描仪通过破坏性梯度回波序列 (Spoiled Gradient Recalled Echo, SPGRE) 获取，重复时间  $T_R$  为 4.33 ms，回波时间  $T_E$  为 2.12 ms，偏转角为 12°。数据的维度为  $192 \times 192 \times 10 \times 105$ ，其中相位编码和频率编码均为 192，切片数量为 10，动态数量为 105。空间分辨率为  $1.33 \text{ mm} \times 1.33 \text{ mm} \times 5 \text{ mm}$ ，视野大小为  $256 \text{ mm} \times 256 \text{ mm} \times 50 \text{ mm}$ 。更详细的成像细节请参考文献<sup>[83]</sup>。

数据通过 Cartesian 全采样模式获得，然后通过一些列的随机采样模式进行回顾性下采样。虽然前瞻性下采样更加符合现实，但是前瞻性地获取上百种不同的下采样模式是不切实际的。为了缩小文章的重点，我们只选取了肿瘤中心所在的切片。在我们的数据中，这是第 6 个切片。同时在所有的重建中，我们切除了胸腔的后边部分来增加图像的稀疏性，这是因为跳动的心脏会在相位编码方向上产生伪影，从而降低重建图像的信噪比。切掉胸腔的过程可以在下采样数据中进行，因为即使在充满伪影的图像中，胸腔也是很容易被划分出来的。最终图像的维度为  $192 \times 128 \times 105$ 。

### 4.3.2 下采样方法

我们生成了 200 个不同的 Cartesian 下采样模式，每个采样模式的维度都和数据相同，即  $192 \times 128 \times 105$ 。在每一帧图像上，我们对低频区域进行全采样，对高频区域进行随机采样。具体来说，我们在 k-space 中选取中心窗口大小为 20 的区域作为低频区域，而在外围的高频区域，我们随机选择一些相位编码线，使得总体来说外围的每一条相位编码被选取的次数相同。这 200 个下采样模式的平均下采样率为 4.5。这里我们选择 4.5 是因为 Cartesian 采样的固有限制，更高的采样率可以使用 non-Cartesian 采样模式获得，但这不在本文考虑范围内。图4.1显示了一个 Cartesian 采样模式的例子。

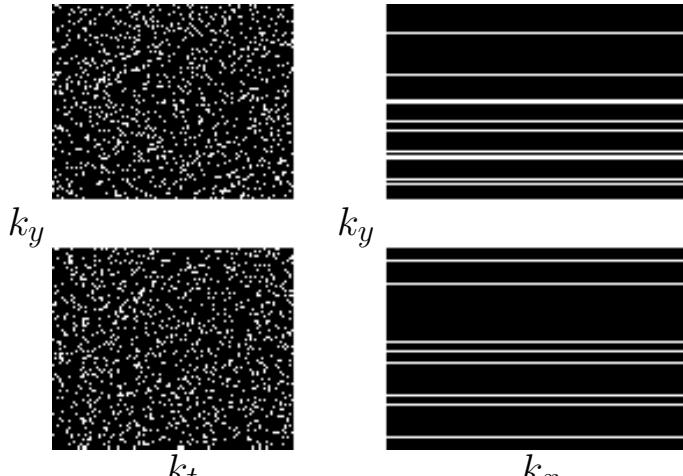


图 4.1 Cartesian 采样模式的例子。左图显示的是所有帧的采样模式，右图显示的是某一帧的采样模式。右图的 2 维采样模式通过左图的一列在 x 方向上重复得到。在每一帧图像上，中心的低维区域进行全采样，而外围的高维区域进行随机采样。整体的下采样在 4.5 左右。

#### 4.3.3 评估方法

我们使用两种方法对重建结果进行评估。首先，为了和之前的文献一致，我们使用基于图像本身的增强信噪比 (SER) 对图像进行评估。SER 的定义如下：

$$\text{SER} = -20 \log_{10} \frac{\|\hat{X} - X_{\text{FS}}\|_F}{\|X_{\text{FS}}\|_F}, \quad (4.15)$$

其中  $X_{\text{FS}}$  为全采样图像，即原图像。

我们使用的第二种评估方法是通过 DCE-MRI 的药代动力学 (Pharmacokinetic) 模型来进行定量分析。本文我们使用最常用的标准 Standard Tofts-Kely 模型<sup>[84]</sup> 来计算  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$  的值。首先我们分别计算全采样和重建图像  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$ ，然后用一致性相关系数 (Concordance Correlation Coefficients, CCC) 来度量他们之间的相似性程度。这是 DCE-MRI 中进行定量参数分析的常用方法。在统计学上，CCC 的定义如下：

$$\text{CCC} = \frac{2\sigma_{\text{FS}}\sigma_{\text{CS}}}{\sigma_{\text{FS}}^2 + \sigma_{\text{CS}}^2 + (\mu_{\text{FS}} - \mu_{\text{CS}})^2}, \quad (4.16)$$

其中  $\mu_{\text{FS}}$  和  $\mu_{\text{CS}}$  分别为全采样图像和压缩感知重建图像  $K^{\text{trans}}$  或者  $v_e$  的期望， $\sigma_{\text{FS}}$  和  $\sigma_{\text{CS}}$  是相对应的方差。

为了从视觉上直观地评估重建图像时间剖面的准确性，我们计算了重建图像肿瘤区域的时间曲线相对于全采样图像之间的差异。我们首先手动将肿瘤区域分割出来，形成一个掩膜，并应用于所有重建图像。我们也分别计算了全采样图像和重建图像肿瘤区域内  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$  的平均值，并用 Bland-Altman 图来显示其一致性。

#### 4.3.4 程序运行

压缩感知重建程序全部使用 MATLAB 语言编写，DCE-MRI 的参数分析使用 Julia 语言的 `DCEMRI.jl`<sup>[85]</sup> 运行。所有实验在双核 Xeon E5-2665 2.40 GHz, 20 GB 内存的

工作站上运行, MATLAB 版本为 2015b (Mathworks, Natick, MA), Julia 版本为 0.4.3。程序已经开源, 详细程序请查看<sup>[86]</sup>。

## 4.4 实验结果

### 4.4.1 图像质量

我们首先评估了这 5 种时间方向的稀疏项在图像质量上的表现。表4.3的第 2 列显示了 200 个不同 Cartesian 采样模式下重建图像的平均 SER。可以看出, 在 5 中稀疏项中, 核范数得到了最高的 SER (29.1), 小波变换的 SER 最低 (21.8), 而傅里叶变换的效果介于小波变换和 TV (27.7) 之间。其中,  $TGV_{\alpha}^2$  (27.8) 与 TV 有着相似的表现。

图4.2(a) 显示了第 1 个 Cartesian 采样模式下 5 种时间稀疏项重建结果的第 105 帧图像。图中红色箭头显示, 背景伪影在  $TGV_{\alpha}^2$  和 TV 中依然存在, 而 NN 基本消除了伪影。虽然 FT 和 WT 也很好地抑制了伪影, 但是它们在肿瘤部分重建的表现是最差的。

图4.2(b) 显示了同样 Cartesian 采样模式下重建结果的第 1 帧图像。图中红色箭头显示, 在视觉上  $TGV_{\alpha}^2$  和 TV 重建肿瘤的效果是最好的, 这也是我们之后进行定量参数分析所用到的部分。FT 和 WT 在重建肿瘤方面的表现是最差的, 而 NN 虽然 SER 最高, 但从视觉上看, 肿瘤部分的误差却高于  $TGV_{\alpha}^2$  和 TV。

图4.3显示了重建图像 SER 的箱型图。我们可以观察到, 对于每个稀疏项而言, SER 的方差都相对很小。因此除了 TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  之间, 所有结果在统计学上都有显著差异。从箱型图中也可以看出, NN 的平均 SER 最高 (29.1), 而 WT 的 SER 最低 (21.8)。

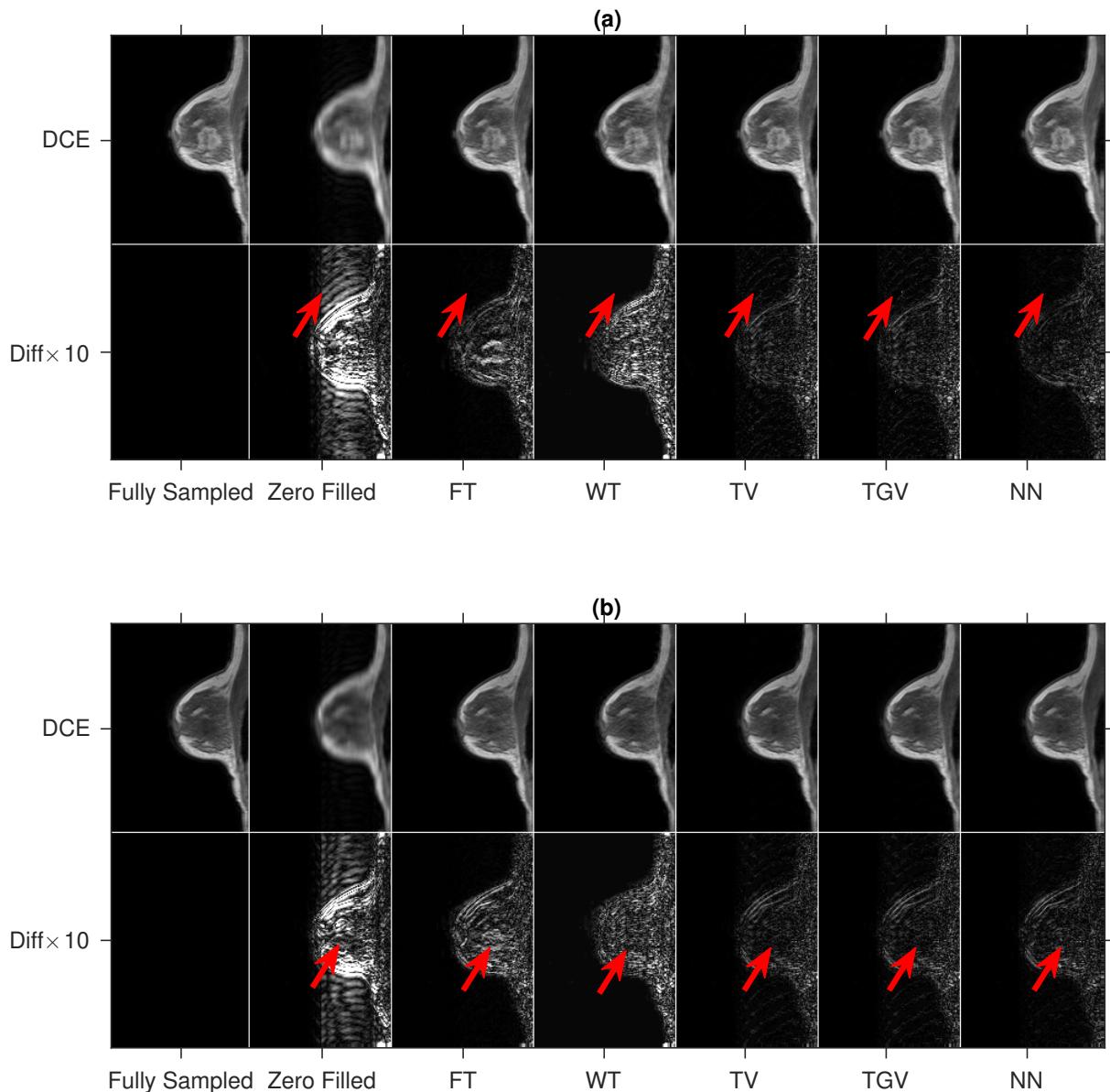
### 4.4.2 参数精度

表4.3的第 3 列和第 4 列分别显示了 5 中稀疏项重建结果的  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$  的 CCC。TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  都得到了最高的参数精度, 其中 TV 的参数精度分别为 0.974 和 0.916, 而  $TGV_{\alpha}^2$  的精度分别为 0.974 和 0.917。虽然 NN 得到了最高的 SER(29.1), 但其参数精度却不是最高的, 分别为 0.842 和 0.799。同样的现象也发生在 WT 与 FT 上, WT 的 SER(21.8) 比 FT(26.4) 低, 但是其参数精度则比 FT 高。

图4.4显示了  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$  参数图肿瘤部分放大后的图像。在视觉上, TV 和  $TGV_{\alpha}^2$

表 4.3 200 个 Cartesian 采样模式重建的均值 SER 与 CCC

稀疏项	SER(dB)	CCC{ $K^{\text{trans}}$ }	CCC{ $v_e$ }
Zero Filled	15.1	0.694	0.636
FT	26.4	0.763	0.575
WT	21.8	0.878	0.733
TV	27.7	<b>0.974</b>	0.916
$TGV_{\alpha}^2$	27.8	<b>0.974</b>	<b>0.917</b>
NN	<b>29.1</b>	0.842	0.799



**图 4.2** 第一个 Cartesian 采样模式的重建结果。(a) 第 105 帧; (b) 第 1 帧。在每一个子图中, 第一行显示的分别是全采样、Zero-filled、WT、FT、TV、TGV $^2$  和 NN 的重建图像, 第二行是相应的与全采样之间的差值图像。为了使得差值图像有更好的视觉效果, 我们将每一张差值图像的像素值都放大了 10 倍。图中的红色的箭头显示, 在视觉上 TV 和 TGV $^2$  模型重建肿瘤的效果是最好的, 而在 NN 去除背景伪影方面表现最好。

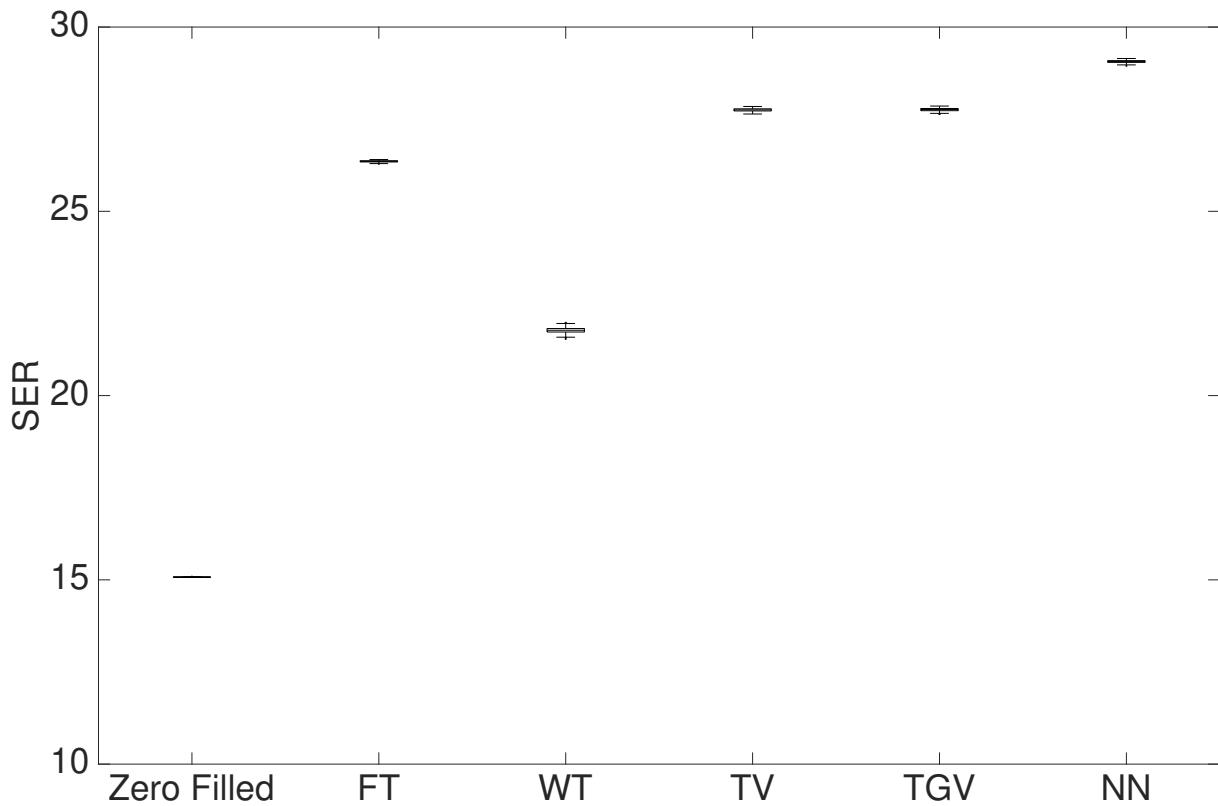


图 4.3 重建图像 SER 的箱型图。除了 TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  之间，所有结果在统计学上都有显著差异。从箱型图中可以看出，NN 的平均 SER 最高 (29.1)，而 WT 的 SER 最低 (21.8)。

都精确地重建出  $K^{trans}$  和  $v_e$ ，与全采样的参数图最接近，没有任何去噪与模糊的效果。而 NN 的参数图像则变得模糊，有过平滑的效果。

图4.5显示了 5 种稀疏项  $K^{trans}$  和  $v_e$  的 Bland-Altman 图。从图中可以看出，TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  得到了几乎无偏差的  $K^{trans}$  和  $v_e$ ，而 WT、FT 和 NN 都低估了  $K^{trans}$  和  $v_e$  的值。虽然从表4.3中可以看出，WT 得到了相对准确地 CCC，但图4.5表明，WT 也严重低估了肿瘤部分的均值。

图4.6显示了全采样图像与重建图像肿瘤区域像素时间曲线的比较。图4.6(a) 是肿瘤区域所有像素平均值的时间曲线，而图4.6(b) 是肿瘤中心像素点 (96,96) 的时间曲线。从图4.6中可以看出，Zerofilled 图像最初 5 帧的重建结果是准确的，但是当注入 CA 之后，像素值就被低估了，导致 SER、 $K^{trans}$  和  $v_e$  的减小。WT 低估了所有帧的肿瘤区域的平均像素值。在图4.6(a) 中，FT 的最初 5 帧和最后 5 帧的拟合效果很差，而且整体体现出了振荡的效应。这一点从图4.6(b) 中可以更明显地观察到。TGV $_{\alpha}^2$  和 TV 最好地拟合了肿瘤区域平均像素值和单个像素值的时间曲线。在最初的几帧中，NN 高估了平均像素值，这也影响了其最终  $K^{trans}$  和  $v_e$  的准确性。

由于在胸部 DCE-MRI 中，医生更关心参数定量分析的准确性，和 SER 一样，我们也展示了  $K^{trans}$  和  $v_e$  的箱型图，如图4.7所示。在所有的箱式图中，四分位的范围都很小，说明对于胸部 DCE-MRI，基于 Cartesian 采样模式的压缩感知重建有可预测的

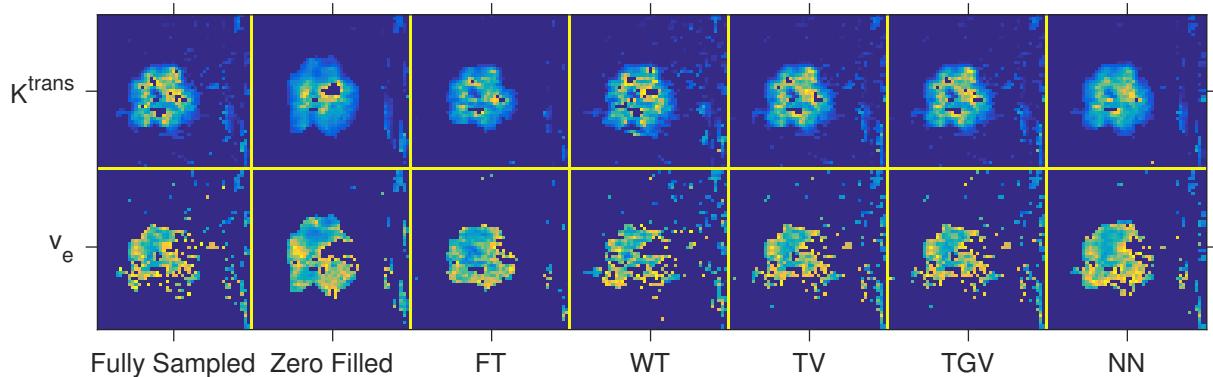


图 4.4  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$  参数肿瘤部分放大的图像。第一行从左到右依次显示了全采样、Zerofilled、WT、FT、TV 和  $\text{TGV}_\alpha^2$  的  $K^{\text{trans}}$  图像。第二行是相应的  $v_e$  图像。在视觉上, TV 和  $\text{TGV}_\alpha^2$  与全采样的参数图像最接近。

精度。图4.7的前两个箱式图可以看出,除了 TV 和  $\text{TGV}_\alpha^2$ , 所有结果在统计上都有显著差异。与图4.6中的发现一致, TV 和  $\text{TGV}_\alpha^2$  得到了最准确的  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$ , 其 CCC 均值高方差小, 并且重建图像也最接近于全采样图像。同样, FT 在肿瘤均值与 CCC 方面最不准确, 而且肿瘤均值  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$  也与真实值相距甚远。虽然 WT 也得到了相对准确的肿瘤均值  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$ , 但其方差较大, 说明其可预测性低。

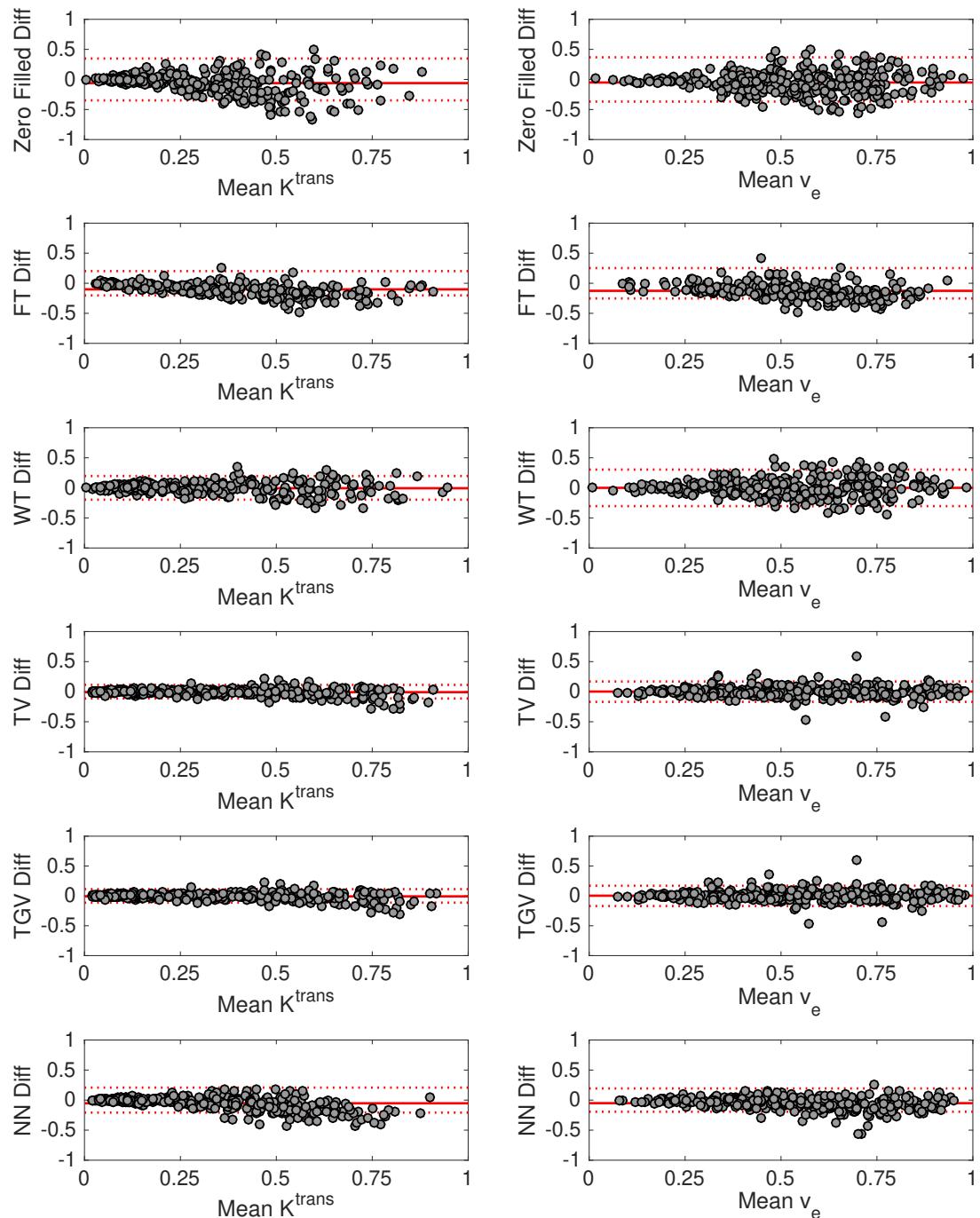
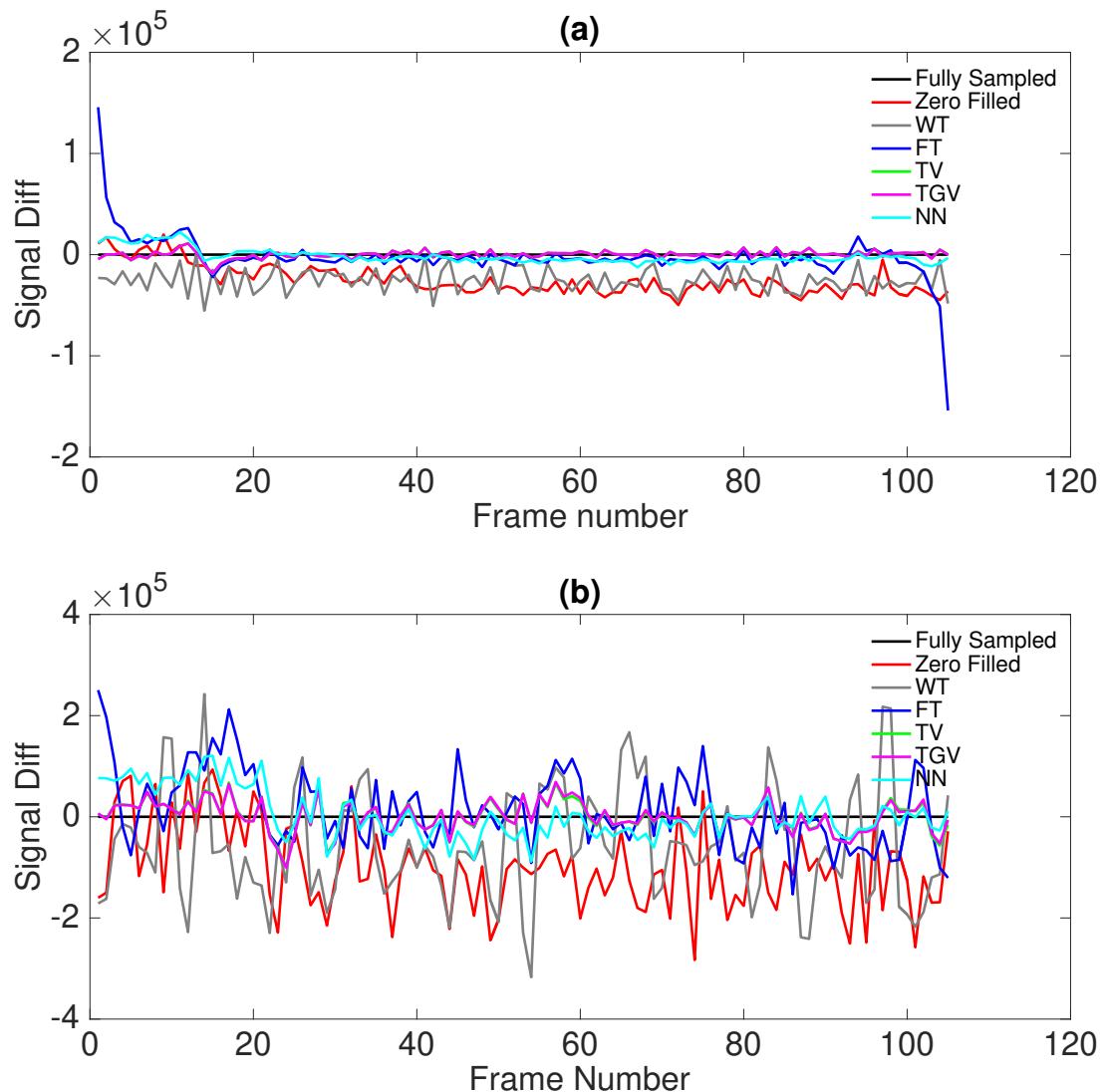
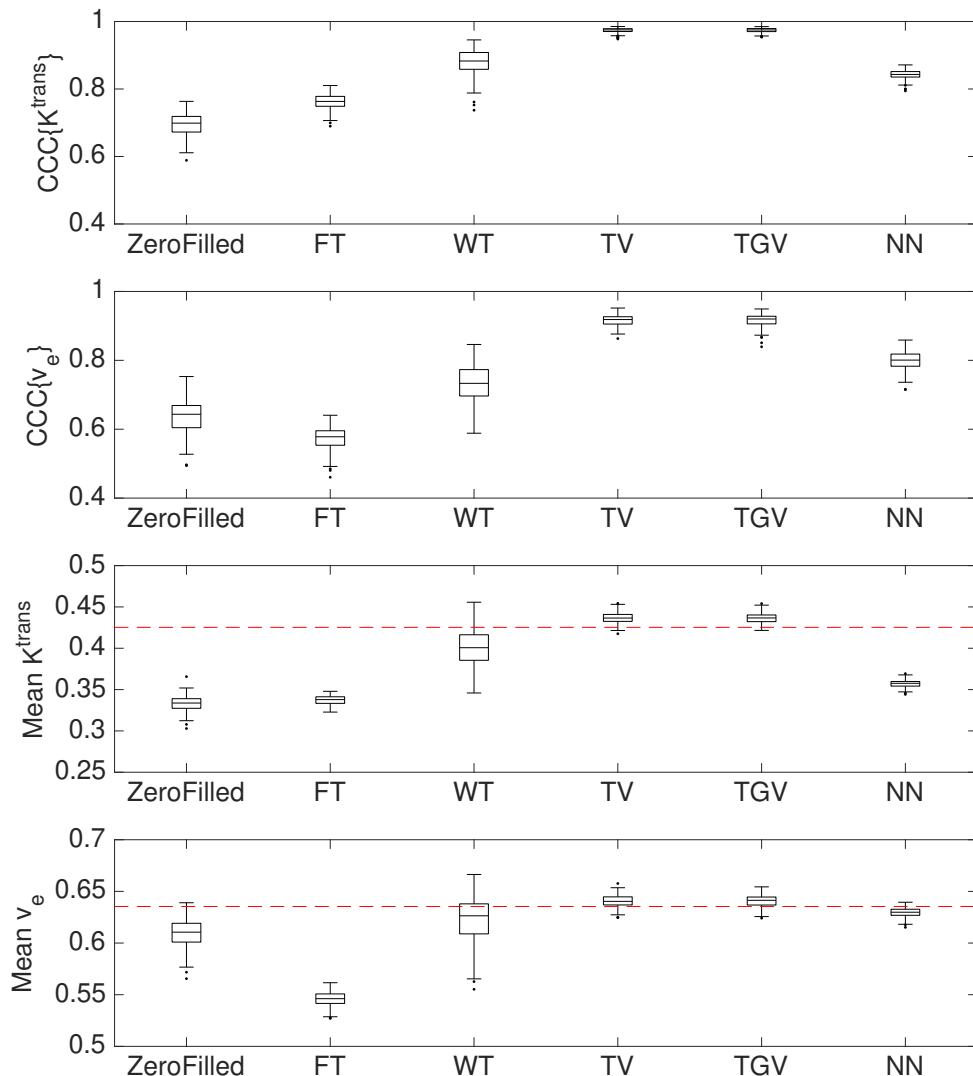


图 4.5 5 种稀疏项  $K^{trans}$  和  $v_e$  的 Bland-Altman 图。第一列为  $K^{trans}$ , 第二列为  $v_e$ 。从上到下依次为 WT、FT、TV、TGV $^2$  和 NN。TV 和 TGV $^2$  得到了最准确并且偏差最小的参数。FT 的偏差值最大, WT 的参数最不准确。NN 虽然低估了参数值, 但其偏差值较小。



**图 4.6** 全采样图像与重建图像肿瘤区域像素时间曲线的比较图。(a) 肿瘤区域平均像素值的时间曲线比较; (b) 肿瘤中心像素 (96,96) 的时间曲线比较。图 (a) 显示 Zerofilled 图像在注入 CA 之后低估了肿瘤区域的平均像素值。WT 在整体上低估了平均像素值。FT 在最初和最后的 5 帧的时间曲线拟合很差, 而且整体上表现出了振荡的效果。TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  最好地拟合了时间曲线。NN 在注入 CA 之前高估了平均像素值, 并且在注入 CA 之后略微低估了平均像素值。图 (b) 表明 Zerofilled 图像在 CA 注入之后低估了肿瘤中心的像素值。FT 和 WT 均表现出振荡的效果, 使得曲线的拟合变得不准确。TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  的时间曲线表现平稳, 而 NN 在注入 CA 之前高估了肿瘤中心像素值。



**图 4.7** 200 个不同 Cartesian 采样模式下 CCC 与肿瘤均值的箱式图。在前两个箱式图中，除了 TV 和  $TGV^2_\alpha$ ，其他稀疏项的重建结果都在统计学上都有显著差异。我们可以观察到，TV 和  $TGV^2_\alpha$  得到了最高的 CCC，这也和4.2的结果一致。在后两个箱式图中，红色的水平线代表肿瘤平均  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$  的真实值，分别为 0.425 和 0.635。与4.2的结果一致，TV 和  $TGV^2_\alpha$  得到了最准确的肿瘤平均  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$ ，也与真实值最接近。有趣的是，NN 倾向于低估  $K^{\text{trans}}$  的值但是却相对准确地得到了  $v_e$ 。

## 4.5 实验分析

定量分析表明了 5 种时间方向的稀疏项在胸部 DCE-MRI 的压缩感知重建中表现的不同。其中，TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  得到了最准确的  $K^{\text{trans}}$  和  $v_e$  图，并且它们在肿瘤区域的时间曲线也最贴合真实值。这表明拟合像素值时间曲线的误差可以预测最终量化参数的精度。如果是这样，在没有真实值的前瞻性成像实验中，我们可以用拟合的残差来估计参数的精度。

图4.7中的箱式图表明，TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  之间没有显著性差异，所以很难区分这两种稀疏项在实际中的应用。但由于本文只针对胸部 DCE-MRI 图像，TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  可能在其他部位的图像上有着不同的表现，尤其是当图像存在线性变化的梯度而不是分片常数时。

本文给出的定量参数分析结果应当告知临床并于研究影响重建方法。对于那些需要得到更加精确整体质量的应用，最好的稀疏项选择是 NN。而另一方面，如果研究者需要得到更精确的参数分析，最好的选择是 TV 和  $TGV_{\alpha}^2$ 。

在本文之前，没有工作量化地比较和研究不同时间方向的稀疏项对胸部 DCE-MRI 压缩感知重建的影响。本文填补了这个空白，但是有三点主要事项。第一，我们在实验中仅仅使用了胸部 DCE-MRI 数据，如果使用其他数据，实验的结果和结论可能会有变化，但预计不会很显著。第二，我们在实验中只使用了 200 个 Cartesian 采样模式，如果使用 non-Cartesian 采样模式，实验结果也可能会不同。第三，FISTA 的调参过程是一个不精确的过程，如果使用不同的参数，实验结果也可能会有轻微的不同，但我们认为整体的结论是不变的。

## 4.6 本章小结

在这一章节里，我们针对胸部 DCE-MRI 图像，量化地比较了 5 种时间稀疏项在压缩感知重建中的表现。我们发现对于胸部 DCE-MRI 图像，FT 是最不适合的稀疏项，因为 DCE-MRI 图像在时间上没有周期性。WT 虽然在参数分析上结果比较精确，但统计上方差较大，而且其重建图像的信噪比最低。NN 最好地抑制了由下采样产生的伪影，因此有着最高的信噪比，但是在参数分析上不太精确。TV 和  $TGV_{\alpha}^2$  得到了最精确的参数分析，且二者的结果在统计上没有明显差异。



## 5 基于 GPU 的实时磁共振指纹的字典生成和匹配

磁共振指纹是 (Magnetic Resonance Fingerprinting, MRF) 量化 MRI 技术的新方法，可以在单次扫描中获得多个组织参数<sup>[13,87,88]</sup>，因此 MRF 有着加速 MR 成像的潜力。MRF 主要包括三个部分，分别为信号采集、字典生成和模式识别。其中信号采集的速度取决于 MR 自身扫描的速度，而字典生成和模式识别则取决于算法和硬件。因此一个快速开源的 MRF 重建软件可以增加 MRF 临床应用的可行性和准确率。

### 5.1 MRF 的主要问题

MRF 重建参数图的一个重要过程是生成包含不同组织参数模拟信号的字典。MRF 重建的准确性很大程度上取决于模拟信号的准确性。在 MRF 最早的文章中，Ma 等<sup>[13]</sup> 使用了 Bloch 方程来模拟单个 isochromat 在 MR 序列中的演化。模型假设指纹中的每个体素都由单一 isochromat 构成，可以很好地模拟 bSSFP 序列的演化过程。但是当处理 uSSFP 序列时，Bloch 模型必须将所有 isochromats 考虑进去。这是因为在 uSSFP 中，由于非平衡梯度场的存在，指纹中的每个体素都是多个 isochromats 的平均。因此 Bloch 方程在处理 uSSFP 时的效率不高。

扩展相图 (Extended Phase Graph, EPG) 是用来模拟 MR 成像的另一个模型，曾经被用在<sup>[39]</sup> 中。EPG 利用 Fourier 变换将自旋系统描述为多个离散的配置状态 (configuration states)。相对于 Bloch 方程，EPG 可以提供更准确的信号演化，尤其是当自旋系统受到非均匀磁场的影响时，比如在 uSSFP 中常用的破坏梯度场。但是 EPG 模型的计算很耗时，因为为了确保结果的准确性，对于每个模拟信号我们都需要追踪 100 甚至更多的配置状态。这在程序中体现为一个维度很高的矩阵，对计算速度和计算机存储都是很大的负担。如果只在 CPU 上运行，在我们自己的硬件上生成一个和 Ma 等<sup>[13]</sup> 使用的同样大小的字典需要几个小时。所以增加模型准确性的代价是巨大的。

除了字典的生成，模式识别也非常耗时。模式识别是将采集到的指纹数据和字典进行匹配，Ma 等<sup>[13]</sup> 使用了模板匹配的方法来进行参数图的重建。记  $X = \{x_i \in C^L\}, i = 1, \dots, N$  为采集到的指纹数据， $D = \{d_k \in C^L\}, k = 1, \dots, P$  为生成的字典。那么模板匹配即为从字典  $D$  中选取和  $x_i$  内积最大的元素：

$$\hat{k}_i = \arg \max_k |\langle \mathbf{d}_k, \mathbf{x}_i \rangle|. \quad (5.1)$$

并且质子密度也可以同时计算：

$$\hat{\rho}_i = |\langle \mathbf{d}_{\hat{k}_i}, \mathbf{x}_i \rangle|. \quad (5.2)$$

不难看出，模板匹配的运行时间与字典大小  $P$ ，时间点的个数  $L$  以及指纹数据中体素的个数有关，计算复杂度为  $O(PL^2N)$ 。当字典很大，指纹数据很多的时候，消耗的时间

是许多快速成像方法无法容忍的。比如，Ma 等在<sup>[13]</sup> 中使用生成了一个大小为 566783 的字典，其中时间点为 1000，并将其和  $128 \times 128$  个体素进行匹配。在他们自己的硬件上，使用 MATLAB 程序运行，字典生成花费了 399 s，而匹配花费了大约 3 min。

除了 Ma 等<sup>[13]</sup> 写在文章附录里的 MATLAB 程序，还有一些开源的 MRF 软件。Malik 等<sup>[89]</sup> 发布了一款 MATLAB 语言的程序 EPG-X，软件可以为不同的 MR 序列进行建模。但是由于他们的程序运行在 CPU 上，速度很慢，尤其是字典生成的速度。同时，EPG-X 不能够处理变化回波时间 (variable  $T_E$ ) 或者变化重复时间 (variable  $T_R$ ) 的序列，而这两种序列在 MRF 中经常遇到。此外，EPG-X 也不能处理  $B_1^+$  效应，我们可以从后面的实验中看到，考虑  $B_1^+$  可以提高参数图的准确性。Cloos<sup>[46]</sup> 等编写了一款基于 C++ 的软件 PnP-MRF，可以模拟整个 MRF 的过程。PnP-MRF 生成字典的速度虽然较快，但模板匹配的速度很慢。而且 PnP-MRF 只使用了 Bloch 方程来生成字典，并不能实现 EPG 模型。并且和 EPG-X 一样，PnP-MRF 不能够实现  $B_1^+$  校正。

在第1.4节中，我么回顾了 MRF 加速的常用方法。其中一大类是基于降维的方法，通过降低字典或者数据的维度，从而达到加速计算的目的。常用的策略是压缩字典在实践方向的维度，比如 MaGiney<sup>[44]</sup> 利用奇异值分解来压缩字典在时间方向的维度，使得模板匹配得到了 3.4-4.8 倍的加速。但是大矩阵奇异值的计算本身计算消耗就很大，而且在依然需要先生成一个字典。Cauley 等<sup>[43]</sup> 提出了分组的思想来处理字典，先将字典中的元素聚类，再用主成分分析来压缩字典在时间和参数方向的维度。这两种方法均没有加速字典生成，而且得到的结果只是模板匹配的近似，因而存在误差。

另一种加速方法是使用神经网络来学习重建参数图<sup>[49]</sup>，使用神经网络对参数图直接推断比在整个字典上进行模板匹配快得多。但是基于学习的方法有一个缺陷就是，学习和训练的效果很大程度上取决于样本的好坏，即网络的训练需要生成字典和其匹配的结果。如果成像序列发生了轻微的变化，比如偏转角、 $T_R$  或者  $T_E$  发生了变化，我们必须重新生成字典并且重新训练网络。理想的解决方式是每当采样序列发生变化时，都能够快速甚至即时的生成新字典。如果能将字典生成和匹配的程序适当地并行运行，这样的解决的方式是可以达到的。

图形处理单元 (Graphics Processing Units, GPU) 是目前常用的加速平行计算的方法，在成像领域有着广泛的应用<sup>[90-93]</sup>。GPU 经常能够是的运算速度提高 10-100 倍。但是据我们所知，目前没有软件使用 GPU 来实现 MRF 的字典生成和模板匹配。另外，也有一些文献中也表明了对缺少科学的研究的可重复性的担忧<sup>[94-97]</sup>。针对以上问题，本文开发了一款开源有效的 MRF 重建软件 snapMRF，用于平行计算字典生成和模板匹配。snapMRF 将字典生成和模板匹配全部放在 GPU 上平行计算，并且给出了一系列单元测试来保证软件的可靠性和准确性。snapMRF 既可以用 Bloch 方程也可以用 EPG 模型来进行字典生成，保证了软件的普适性。

## 5.2 snapMRF 代码结构

snapMRF 实现 MRF 重建参数图一共可以分为 5 个部分，其中前两步为输入，后面两步为计算，最后一步是输出。这是由 GPU 计算的原理所决定的。一般来说，利用 GPU 进行平行计算需要首先将数据从主机 (host) 拷贝到设备 (device) 上，在设备上进行计算之后，再将处理之后的数据从设备拷贝回主机上进行存储或其他处理。注意下面变量前面的 \* 表示他们为 C 语言中的向量，其中主机向量以字母 h 开头，设备向量以字母 d 开头。

- **CSV 文件中读取 MR 序列的成像参数**，将其存储在主机向量 `*h_mrf`，并拷贝到设备向量 `*d_mrf` 中。这个 CSV 文件中包含了四种信息，即偏转角  $\alpha$ ，相位角  $\phi$ ，回波时间  $T_E$  和重复时间  $T_R$ 。时间点的个数储存在变量 `nreps` 中。
- **从命令行读取字典的配置信息** ( $T_1, T_2, B_0, B_1^+$ )。使用函数 `parse_length()` 解析命令行，并使用 `parse_params()` 将其分别储存在主机向量 `*h_t1, *h_t2, *h_b0` 和 `*h_b1` 中。为了之后处理方便，这四个主机向量被函数 `trans_params()` 合并成一个向量，并拷贝到设备向量 `*d_params`。在 `*d_params` 中，配置信息的存储顺序是  $T_1$  优先的，即  $T_1$  的指标变化最快，然后是  $T_2$ ，然后是  $B_0, B_1^+$  的指标变化最慢。配置信息的个数分别存放在变量 `l_t1, l_t2, l_b0` 和 `l_b1` 中。字典中元素的个数使用函数 `compute_natoms()` 计算得到，存储在变量 `natoms` 中。由于在实际情况中， $T_1$  的值一般远大于  $T_2$  的值，所以  $T_1 \leq T_2$  的情况被移除了。
- **直接在 GPU 上生成字典**，使用的函数为 `MRF_dict()`，并将结果储存在设备向量 `*d_atoms` 中。对于每个  $B_1^+$  和每个时间点，设备函数 (也称为 kernel) 关于字典中元素的指标是平行计算的。也就是说，所有元素的信号演化是平行计算的，即我们先计算所有元素在第一个时间点的信号大小，更新每个元素的状态矩阵，之后计算下一个时间点的信号大小，直至所有时间点都计算结束。字典中元素所包含的参数信息存储在 `*d_params` 中，顺序与字典 `*d_atoms` 相同。
- **将指纹体素与字典匹配**。从 RawArray<sup>[98]</sup> 文件中读取采集好的指纹数据，存储在向量 `*d_img` 中。函数 `MRF_match()` 分两步计算参数图。第一步，对于每个包含不同  $B_1^+$  的子字典，计算指纹数据在子字典下的参数图，并将其储存在 `*d_MAPS` 中。当字典过大时，GPU 的显存可能有限。为了最大程度地利用 GPU 的显存，我们首先计算程序运行到此处时 GPU 所剩显存，并用函数 `compute_nsplits()` 根据所剩显存将指纹数据分为大小相等的组，在每个小组上进行匹配。函数 `MRF_minimatch()` 用来计算每个小组的指纹数据的参数图。同时为了优化匹配速度，我们将指纹数据看做一个矩阵，则指纹与字典的内积则可以由指纹与字典的共轭转置相乘得到。这样做的目的是为了使用高度优化的 cuBLAS 软件库中矩阵相乘的函数。然后利用函数 `generate_maps()` 从内积矩阵中生成参数图。第二步，使用 `merge_maps()` 将不同  $B_1^+$  生成的参数图融合起来，生成最终的参数图。这个 kernel 关于体素是

平行计算的。对于每个体素，由于在第一步中产生了  $l\_b1$  组参数，选择与校正  $B_1^+$  最接近的那个  $B_1^+$  的值，并将其相对应的  $T_1$ ,  $T_2$  和  $B_0$  作为最后的参数。最接近校正值的  $B_1$  也被保存了下来。最后的参数图在  $*d\_maps$  中，以  $T_1$ ,  $T_2$ ,  $B_0$ ,  $B_1^+$  和质子密度的顺序存储。

- **保存结果。** 将字典元素和参数图从 GPU 拷贝回 CPU，并存储成为 RawArray 格式。释放内存。

从以上步骤可以看出，消耗时间的数据拷贝只发生了两次，即将 MR 序列文件和指纹数据从 CPU 拷贝到 GPU 和将生成的字典和参数图从 GPU 拷贝回 CPU。其他的步骤都在 GPU 上进行。

### 5.3 GPU 核功能

在 Nvidia 的计算框架 CUDA(Compute Unified Device Architecture) 中，将在 GPU 上平行计算的特殊函数称为核 (kernel)，将该函数运行的一个实例称为一个线程 (thread)。因此 GPU 平行计算编程的一个原则是将算法分解，使得算法的每一小步都可以在 GPU 上平行运行。我们下边介绍 snapMRF 中核的主要功能。

- **init\_rf\_pulse()** 默认初始化磁化向量大小为状态  $[0, 0, 1]^T$ 。如果使用的序列为 uSSFP，对初始磁化进行反转衰减 (inversion decay)，衰减时间为  $TI$  ms。核的输入为字典大小  $natoms$  和状态的个数  $nstates$ ，输出为状态矩阵  $*d\_w$ 。
- **fill\_transition\_matrix()** 根据偏转角和相位角计算转移矩阵  $*d\_T\_m$  中的每一个元素，其中偏转角和相位角储存在向量  $*d\_mrf$  中。转移矩阵  $*d\_T\_m$  对应 EPG 算法中的  $T$  算子，它的作用是模拟射频场对磁化的影响。
- **apply\_rf\_pulse()** 将转移矩阵  $*d\_T\_m$  作用于状态矩阵  $*d\_w$  上。这里单精度复值矩阵乘法使用 CUDA 自带的 cuBLAS 函数库中的函数 `cublasCgemm()` 实现。
- **shift\_phase()** 磁化的水平分量相位平移作用在状态矩阵  $*d\_w$  上。这个核只有在 bSSFP 中用到。
- **save\_atom()** 从状态矩阵  $*d\_w$  中读取最近的回波强度，并储存在字典  $*d\_atoms$  中。输入为序列中时间点的个数  $nreps$  和当前回波所在的时间点  $index$ 。
- **decay\_signal()** 将  $T_1$  和  $T_2$  衰减作用在状态矩阵  $*d\_w$  中并把结果保存在状态矩阵中。这里衰减的时间有四种不同的选择，分别为： $T_E$  (`type=1`)， $T_R - T_E$  (`type=2`)， $T_E/2$  (`type=3`) 和  $T_R$  (`type=4`)。 $T_E$  和  $T_R$  存储在向量  $*d\_mrf$  中，而  $T_1$  和  $T_2$  存储在向量  $*d\_params$ 。这个核相当于 EPG 模型中的  $E$  算子。
- **dephase\_gradients()** 将失相效果作用于状态矩阵  $*d\_w$  上，并将结果保存回状态矩阵。这个核相当于 EPG 模型中的  $S$  算子。

## 5.4 单元测试

单元测试是简单的情形的测试，目的是为验证和确保程序的正确性。单元测试的正常结果是全部通过。如果有一个或者多个单元测试失败，那么意味着程序或者算法有错误。snapMRF 中给出了 8 组单元测试，每组单元测试对应一个简单序列的字典生成或者模板匹配，并与其相对应的解析解进行比较。所有的单元测试都包含在源文件 `test.cu` 中。Table 5.1 显示了不同序列所用到的参数。为了简化计算，对于所有的序列， $B_0 = 0$  并且  $B_1 = 1$ 。序列的详细信息请参考文献<sup>[42]</sup> 和<sup>[99]</sup>。

### 5.4.1 自旋回波

第一个单元测试的序列是一个简单的自旋回波，由一个  $90^\circ$ (偏转角  $\alpha = \pi/2$ , 相位角  $\Phi = \pi/2$ ) 和一个  $180^{\text{circ}}$ (偏转角  $\alpha = \pi$ , 相位角  $\Phi = 0$ ) 射频脉冲构成。其中  $T_1 = 600$  ms,  $T_2 = 100$  ms,  $T_E = 25$  ms,  $T_R = 1000$  ms。通过简单计算可以得知，这个回波产生的信号为  $(e^{-T_E/T_2})^2 = [\exp(25/100)]^2 = 0.6065$ 。snapMRF 中相应的函数为 `epg_se()`。

注意这里  $T_E$  的含义与传统自旋回波不同。在传统自选回波中， $T_E$  是指  $90^{\text{circ}}$  射频脉冲到读取回波的时间。但是在 snapMRF 中，由于程序是由稳态序列优化，这里的回波时间是指  $180^{\text{circ}}$  射频脉冲到读取回波的时间。如果想把这里的  $T_E$  转换为传统的自旋回波  $T_E$ ，只需要将其除以二。同样的情况也是用与快速自旋回波。

### 5.4.2 饱和恢复序列

第二个单元测试是饱和恢复序列 (Saturation Recovery)，由  $60^{\text{circ}}$  相隔时间相同 (偏转角  $\alpha = \pi/3$ , 相位角  $\Phi = \pi/2$ ) 的射频脉冲构成。这里其中  $T_1 = 600$  ms,  $T_2 = 100$  ms,  $T_E = 1$  ms,  $T_R = 500$  ms。经计算得到解析解为  $[0.857, 0.674, 0.631, 0.622, 0.620, 0.620, 0.620, 0.620]$ 。snapMRF 中相应的函数为 `epg_sr()`。可以看出，在经历了几个脉冲序列之后，回波强度达到了稳态。

**表 5.1** 单元测试中使用的参数。单元测试共使用了 6 个不同的序列，每个序列都有不同的参数。“n/a”的意思是该参数不适用相应的单元测试。 $\text{rand}(a,b)$  意思是参数是从  $a$  与  $b$  中随机选择。

Echo Type	$\alpha$ (deg)	$\Phi$ (deg)	$T_1$ (ms)	$T_2$ (ms)	$T_E$ (ms)	$T_R$ (ms)
SE	$\frac{\pi}{2} \rightarrow \pi$	$\frac{\pi}{2} \rightarrow 0$	600	100	25	1000
SR	$\frac{\pi}{3} \rightarrow \dots$	$\frac{\pi}{2} \rightarrow \dots$	600	100	1	500
FSE	$\frac{\pi}{2} \rightarrow \frac{2\pi}{3} \rightarrow \dots$	$\frac{\pi}{2} \rightarrow 0 \rightarrow \dots$	n/a	n/a	0	0
FSE+relax	$\frac{\pi}{2} \rightarrow \pi \rightarrow \dots$	$\frac{\pi}{2} \rightarrow 0 \rightarrow \dots$	600	100	25	50
FISP	$\frac{\pi}{6} \rightarrow \dots$	$0 \rightarrow \dots$	1000	100	5	10
SSFP	$\text{rand}(0,\pi/3)$	$0 \rightarrow \dots$	100,200	20,40	$\text{rand}(3.5,7.5)$	16

### 5.4.3 无驰豫快速自旋回波

第三个单元测试是无驰豫快速自旋回波序列 (Fast Spin Echo), 由一个  $90^{\circ}$ (偏转角  $\alpha = \pi/2$ , 相位角  $\Phi = \pi/2$ ) 和一系列  $120^{\circ}$ (偏转角  $\alpha = 2\pi/3$ , 相位角  $\Phi = 0$ ) 射频脉冲构成。既然驰豫被忽略, 在理论上  $T_1$  和  $T_2$  的值应为正无穷。因此, 在程序中  $T_1$  和  $T_2$  并未被真正用到。我们只计算了三个回波, 最后回波的强度为 [0.750, 0.938, 0.844]。snapMRF 中相应的函数为 `epg_tse()`。

### 5.4.4 有驰豫快速自旋回波

第四个单元测试是有驰豫快速自旋回波序列, 由一个  $90^{\circ}$ (偏转角  $\alpha = \pi/2$ , 相位角  $\Phi = \pi/2$ ) 和 8 个  $180^{\circ}$ (偏转角  $\alpha = \pi$ , 相位角  $\Phi = 0$ ) 射频脉冲构成。这里  $T_1 = 600$  ms,  $T_2 = 100$  ms,  $T_E = 25$  ms,  $T_R = 50$  ms。最后的回波为 [0.607, 0.368, 0.223, 0.235, 0.082, 0.0500, 0.0302, 0.0183, 0.0111, 0.0068]。snapMRF 中相应的函数为 `epg_tse()`。

### 5.4.5 快速梯度回波

第五个单元测试是  $F_0$ -type SSFP 序列 (也成为 FISP), 由一系列  $30^{\circ}$ (偏转角  $\alpha = \pi/6$ , 相位角  $\Phi = 0$ ) 射频脉冲构成。这里  $T_1 = 1000$  ms,  $T_2 = 100$  ms,  $T_E = 5$  ms,  $T_R = 10$  ms。最后的回波为  $[-0.4756i, -0.4125i, -0.3358i]$ ,  $i = \sqrt{-1}$ 。snapMRF 中相应的函数为 `epg_fisp()`。

### 5.4.6 Bloch 方程

第六个单元测试是翻转恢复平衡自由进动 (IR-bSSFP) 序列, 使用 Bloch 方程来生成模拟信号。我们生成了一个含有 4 个元素的字典, 字典中的每个元素有 4 个时间点。snapMRF 中相应的函数为 `roa_ssfp()`。

### 5.4.7 EPG 模型

第七个单元测试是翻转恢复平衡自由进动 (IR-bSSFP) 序列, 使用 EPG 模型来生成模拟信号。我们生成了一个含有 4 个元素的字典, 字典中的每个元素有 4 个时间点。snapMRF 中相应的函数为 `epg_ssfp()`。

### 5.4.8 字典自匹配

第八个单元测试是使用 EPG 生成的字典来进行自我匹配。我们从字典中随机选择 10 个体素作为指纹数据, 并将其和字典进行匹配。对匹配的元素的验证确保了参数的正确性。snapMRF 中相应的函数为 `MRF_match()`。

## 5.5 实验方法

本文进行了三组实验, 用于比较 snapMRF 与其他 MRF 开源软件, 如 EPG-X 和 PnP-MRF。实验所使用的数据以及实验的设置如下。

### 5.5.1 运行时间

为了比较软件的运行时间，我们使用 32 通道的头部线圈对 MRI 系统体模<sup>[100]</sup> (HPD, Boulder, Colorado) 在 3.0 T (Philips Ingenia, Philips Healthcare, The Netherlands) 进行冠状成像。体模在单个切片上成像，通过一系列不同 MnCl<sub>2</sub> 浓度的对比度球得到不同的  $T_1$  和  $T_2$  值。体模的温度为 20 deg C。k-space 数据使用 32 倍均匀螺旋下采样获得<sup>[101]</sup>。图像的视野大小，平面内分辨率、平面外分辨率和螺旋采集时间分别为 240 mm × 240 mm, 1 mm × 1 mm, 10 mm 和 4.9 ms。

原始 MRF 数据使用 BART<sup>[102]</sup> 进行网格化和线圈组合重建，并且使用 BART 中的 eSPIRIT 估计线圈灵敏度图 (sensitivity map)。样本密度使用<sup>[103]</sup> 校正。重建后指纹数据的维度为 1000 × 240 × 240。

体模数据所使用的 MRF 序列改变自将 uSSFP 用于 MRF 的第一篇文章<sup>[39]</sup>。在这个序列中，绝热反转时间为 40 ms，射频场为 sinc-gauss 型脉冲信号，并将时间带宽乘以 10 以最小化切片轮廓中  $B_1^+$  的异质性。重复时间  $T_R$  和偏转角  $\alpha$  是变化的，其中  $T_R \in [16, 18.7]$ ,  $\alpha \in [0, 60]$ 。回波时间  $T_E$  固定在 4.65 ms，总的扫描时间为 17.5 s。

为了比较软件的运行时间， $T_1$  的值设置为 100 ms 到 3000 ms 之间， $T_2$  的值设置为 20 ms 到 2000 ms 之间。为了研究运行时间域字典大小的关系，我们选择了 10 组不同数目组合的  $T_1$  和  $T_2$ ，共形成 10 个大小不同的字典。我们将 snapMRF 的运行时间与 EPG-X<sup>[89]</sup> 和 PnP-MRF<sup>[104]</sup> 比较，并画出运行时间随字典大小变化曲线。

### 5.5.2 参数精度

为了评估参数精度，我们比较了 snapMRF 与 EPG-X 生成  $T_1$  和  $T_2$  参数图的精度。在这组实验中，我们依然使用上一组实验的数据。但是由于 EPG-X 只能处理固定  $T_R$  的序列，我们使用固定  $T_R$  的 MRF 序列对同样的体模数据进行成像。具体来说， $T_R$  固定在 16 ms，其他参数均与上一组实验相同。原始 MRF 数据的重建也与上一组实验相同，最终重建后指纹的数据为 1500 × 240 × 240。

为了对比 snapMRF 与 EPG-X，我们首先比较二者在固定  $T_R$  序列上重建参数图的精度。其次，我们比较 snapMRF 在固定  $T_R$  和变化  $T_R$  序列上表现的差异。最后我们研究  $B_1^+$  校正对参数图精度的影响。在所有比较中，我们均将字典大小选为 100000 左右。不含  $B_1^+$  校正时， $T_1$  的值从 50 ms 到 2500 ms，增量为 5 ms， $T_2$  的值从 5 ms 到 600 ms，增量为 2.5 ms，最终字典大小为 105028。当考虑  $B_1^+$  校正时， $T_1$  的值从 50 ms 到 2500 ms，增量为 5 ms， $T_2$  的值从 5 ms 到 600 ms，增量为 2.5 ms， $B_1^+$  的值从 0.8 到 1.2，增量为 0.1，最终字典的大小为 105655。参数图的精度使用相对误差来度量：

$$\text{err} = \frac{\|T_m - T_{gt}\|_2}{\|T_{gt}\|_2} \times 100\%, \quad (5.3)$$

其中  $T_m$  是由 snapMRF 或者 EPG-X 生成的参数图， $T_{gt}$  是真实值。

### 5.5.3 图像质量

为了评估图像质量，在评估委员会同意以后，我们在一位志愿者在知情的情况下，使用 32 通道头部线圈在 3.0 T (Philips Ingenia, Philips Healthcare, The Netherlands) 对其大脑横向切片成像。与体模数据相同， $k$ -space 数据使用 32 倍均匀螺旋下采样获得<sup>[101]</sup>。图像的视野大小，平面内分辨率、平面外分辨率和螺旋采集时间分别为 240 mm × 240 mm, 1 mm × 1 mm, 5 mm 和 5.1 ms。原始 MRF 的重建算法和 MRF 的序列与体模数据均相同，最终形成指纹数据的维度为 1000 × 240 × 240。

在本组实验中，我们从视觉上比较 snapMRF 与 EPG-X 生成参数图的好坏。与体模数据类似，我们也比较四种情形重建的参数图，即固定  $T_R$ EPG-X，固定  $T_R$ snapMRF，变化  $T_R$ snapMRF，变化  $T_R$ snapMRF 加  $B_1^+$  校正。在所有比较中，我们均将字典大小选为 100000 左右。不含  $B_1^+$  校正时， $T_1$  的值从 100 ms 到 4000 ms，增量为 10 ms， $T_2$  的值从 20 ms 到 2000 ms，增量为 5.5 ms，最终字典大小为 108056。当考虑  $B_1^+$  校正时， $T_1$  的值从 100 ms 到 4000 ms，增量为 20 ms， $T_2$  的值从 20 ms 到 2000 ms，增量为 14.5 ms， $B_1^+$  的值从 0.8 到 1.2，增量为 0.1，最终字典的大小为 102830。

### 5.5.4 程序软件

所有程序均在 dual 10-core Intel Xeon E5-2630 2.20 GHz 的 CPU, 256 GB 内存和 Nvidia TITAN V 的 GPU 的工作站上运行。文章中所使用的 snapMRF 程序可以在<sup>[105]</sup> 中找到，版本为 v0.0.1。

## 5.6 实验结果

### 5.6.1 运行时间

图5.1展示了 snapMRF 和 EPG-X(上) 与 PnP-MRF(下) 字典生成与模板匹配的运行时间的比较。注意图像中的曲线为对数尺度下的曲线。从图像中可以看出，所有时间曲线如设想一样随着字典大小呈线性变化。整体来看，snapRMF 的运行速度是 EPG-X 与 PnP-MRF 的 10–100×。具体来说，与 EGP-X 相比，snapMRF 在字典生成方面(上，实线)的速度提高了 60–1700×，在模板匹配(上，虚线)上速度提高了 2–20×。与 PnP-MRF 相比，snapMRF 在字典生成方面(下，实线)的速度提高了 2–100×，在模板匹配(下，虚线)上速度提高了 60–500×。因此，snapMRF 在整体上字典生成的速度提高了 10–1000×，而模板匹配的速度提高了 10–100×。注意当字典比较大时，snapMRF 的速度比其他两个软件快得多。

### 5.6.2 参数精度

snapMRF 和 EPG-X 字典生成和模板匹配的运行时间在表5.2中。可以看出，对于不同的序列，snapMRF 可以在 15 s 内生成大小为 100000 的字典并进行模板匹配，速度远远大于 EPG-X。

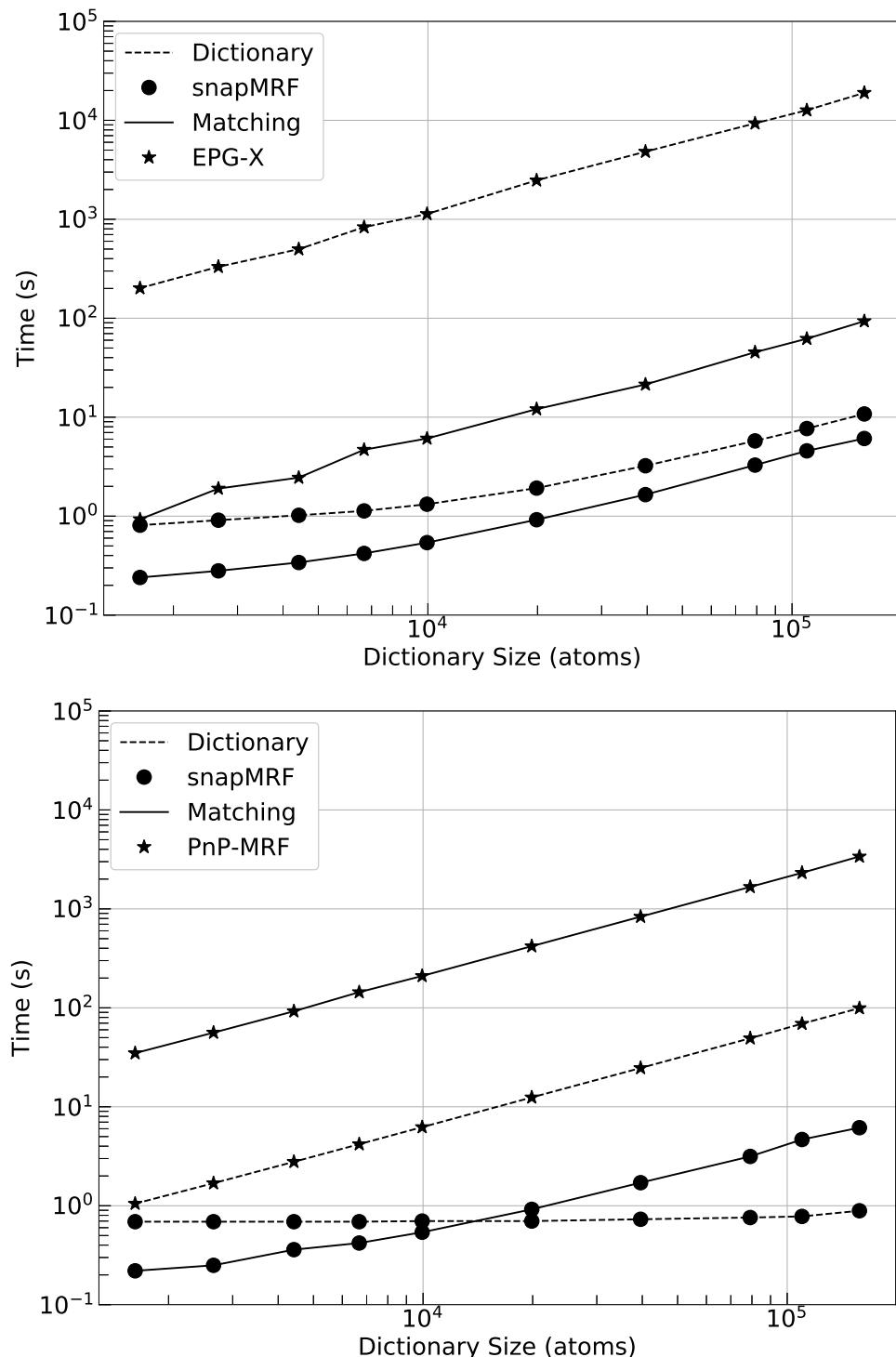


图 5.1 字典生成和模板匹配运行时间比较。(上)snapMRF 与 EPG-X; (下)snapMRF 与 PnP-MRF。注意曲线为对数尺度。运行时间随着字典大小线性变化，说明了有效的平行化。在我们的例子中，对于  $240 \times 240$  个体素的指纹数据，模板匹配的时间比字典生成少得多。

**表 5.2** snapMRF 与 EPG-X 在字典生成和模板匹配上运行时间的比较。注意 snapMRF 比 EPG-X 快很多。

Running time (ms)	EPG-X $\text{fix}T_R$	snapMRF $\text{fix}T_R$	snapMRF $\text{var}T_R$	snapMRF $\text{var}T_R + B_1^+$
phantom/dict	17797.05	11.00	7.42	9.39
phantom/match	137.13	5.97	4.14	4.88
brain/dict	18629.82	11.29	7.63	8.72
brain/match	143.55	6.13	4.23	4.63

表5.3和表5.4分别展示了 snapMRF 和 EPG-X 在体模数据重建生成的  $T_1$  和  $T_2$  与对应的相对误差。两个表中的第一列分别为  $T_1$  和  $T_2$  的真实值。从5.3和表5.4中可以看出，对于固定  $T_R$  序列，snapMRF 与 EPG-X 的精度是几乎一样的的。这是自然的，因为 snapMRF 与 EPG-X 都是用 EPG 模型生成字典，重建的方法也都使用了模板匹配。对于变化  $T_R$  序列， $T_1$  的误差从 5.0% 降低到了 2.6%，而  $T_2$  的误差保持不变。当我们考虑  $B_1^+$  的影响时， $T_1$  的误差保持很低， $T_2$  的误差降低到 9.3%。结果表明变化  $T_R$  序列和  $B_1^+$  校正有助于提高参数图的准确性。

图5.2显示了 snapMRF 和 EPG-X 生成的  $T_1$ ， $T_2$  和质子密度参数图。为了更好地观察感兴趣区域，我们用 Otsu 方法从质子密度图像中生成了一个 mask，并应用到  $T_1$  和  $T_2$  参数图中。这样做可以去除背景中的高信号（研究对象之间用于填充的水），使得感兴趣区域凸现出来。另外，我们也简单地去除了外围的伪影。在绘制参数图时， $T_1$  图显示在 0-2500 ms 的范围， $T_2$  图显示在 0-800 ms 范围。从图5.2中可以看出，对于固定  $T_R$  序列，snapMRF 和 EPG-X 所生成的参数图在视觉上几乎一致。对于变化  $T_R$  序列， $T_1$  参数图有所提高，而  $T_2$  参数图保持不变。当考虑  $B_1^+$  校正时， $T_2$  参数图也有了明显的提升。

### 5.6.3 图像质量

图5.3显示了 snapMRF 在活体人脑数据中的表现以检测 snapMRF 是否可以生成干净的活体参数图。为了更好地视觉效果，与体模数据相同，我们使用 Otsu 方法生成了一个 mask，并将其作用在  $T_1$  和  $T_2$  参数图上。在绘制参数图时， $T_2$  参数图显示在 0-300 ms 的范围，质子密度图像显示在 0-0.25 的范围。程序运行时间在表5.2中。

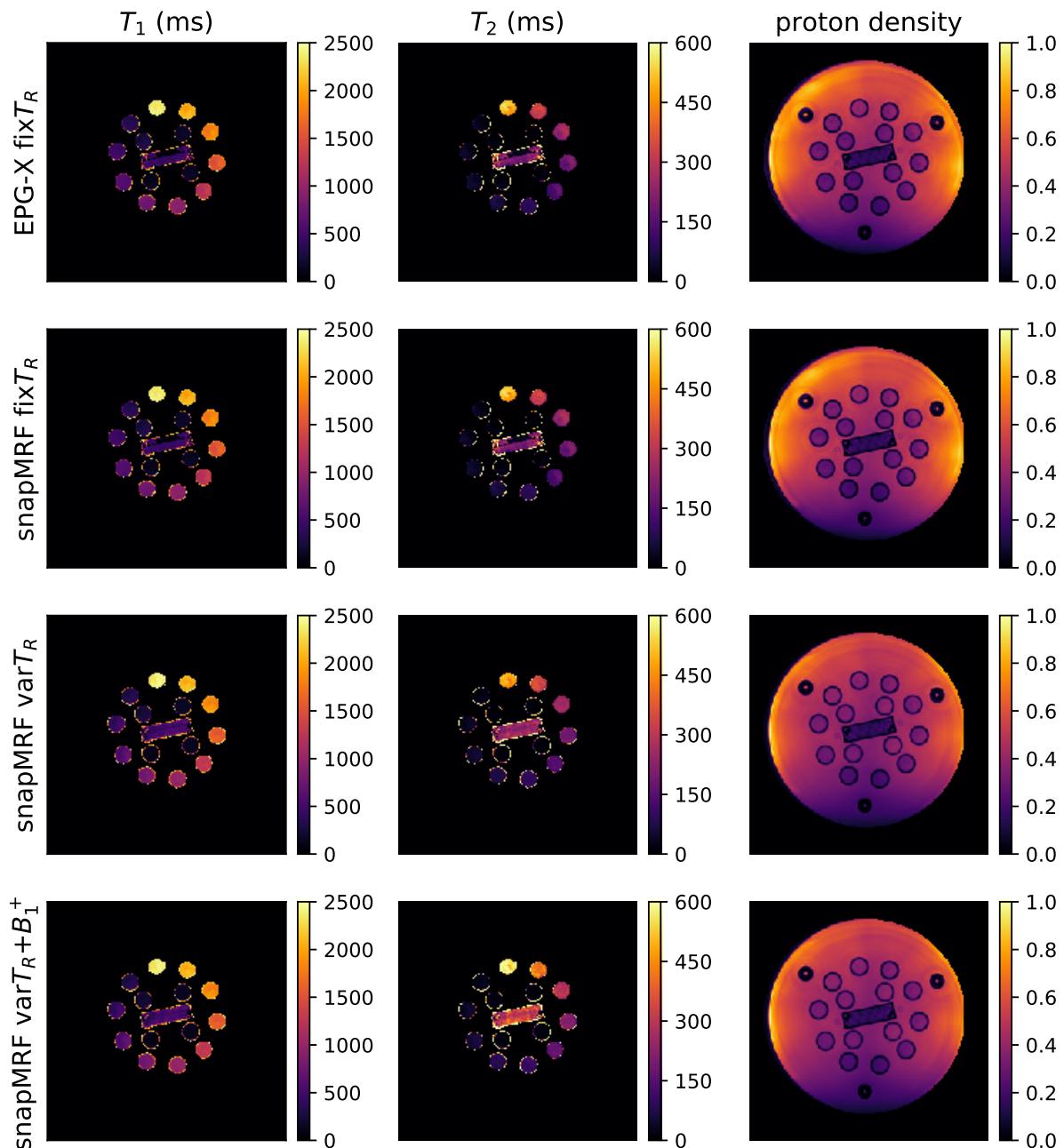
从图5.3中可以看出，对于所有序列，snapMRF 都可以生成高质量的参数图。与体模数据的情况类似，snapMRF 和 EPG-X 在固定  $T_R$  序列时生成了视觉上一致的参数图。对于变化  $T_R$  序列， $T_1$  参数图更加平滑并且质子密度参数图也比固定  $T_R$  时更暗一些。当考虑  $B_1^+$  时校正时， $T_2$  参数图也变得更平滑，尤其是在灰质区域。

**表 5.3** snapMRF 与 EPG-X 在体模数据上 MRF 生成  $T_1$  参数图的准确性比较。表中的第一列为  $T_1$  的真实值。snapMRF 可以生成相当精确的  $T_1$  值，即使用了未经优化的序列和字典。

True $T_1$ (ms)	EPG-X fix $T_R$	snapMRF fix $T_R$	snapMRF var $T_R$	snapMRF var $T_R+B_1^+$
90.9	128.5	127.7	111.5	94.2
126.9	155.0	155.0	146.5	127.9
176.6	173.1	173.1	172.3	153.8
244.2	280.4	280.4	265.0	225.0
336.5	342.7	342.7	326.5	319.2
458.4	471.2	471.2	471.9	468.3
608.6	602.7	601.2	625.0	622.1
801.7	771.5	770.4	818.5	813.5
1044.0	945.0	943.1	1032.3	1026.0
1332.0	1262.7	1263.1	1310.8	1306.7
1604.0	1568.8	1568.1	1607.3	1593.3
1907.0	1861.2	1861.9	1854.2	1828.8
2173.0	2043.1	2043.1	2091.9	2094.2
2480.0	2366.5	2366.2	2434.6	2416.3
err (%)	4.9	5.0	2.6	3.0

**表 5.4** snapMRF 与 EPG-X 在体模数据上 MRF 生成  $T_2$  参数图的准确性比较。表中的第一列为  $T_2$  的真实值。snapMRF 可以生成相当精确的  $T_2$  值，即使用了未经优化的序列和字典。

True $T_2$ (ms)	EPG-X fix $T_R$	snapMRF fix $T_R$	snapMRF var $T_R$	snapMRF var $T_R+B_1^+$
5.6	6.9	6.9	9.4	12.3
7.9	11.5	11.2	10.0	13.5
11.2	13.3	13.3	11.2	13.5
15.8	13.7	13.5	11.3	20.4
22.6	21.2	21.2	23.3	30.0
32.0	32.3	32.3	38.3	47.3
46.4	45.0	44.8	50.4	60.0
64.1	64.2	64.2	70.2	83.8
96.9	84.6	84.4	90.8	104.6
133.3	144.0	143.8	146.9	170.8
190.9	175.4	175.4	185.2	213.8
278.1	266.5	266.5	255.4	290.0
403.5	323.3	323.5	343.7	407.7
581.3	474.0	474.2	453.5	531.5
err (%)	16.9	16.9	17.9	9.3



**图 5.2** snapMRF 和 EPG-X 在体模数据上参数准确度的比较。第一行: EPG-X 使用固定  $T_R$  生成的参数图。从左到右分别为  $T_1$ ,  $T_2$  和质子密度。第二行到第四行为 snapMRF 的重建结果, 使用的序列分别为固定  $T_R$ 、变化  $T_R$  和考虑  $B_1^+$  的变化  $T_R$ 。 $T_1$  和  $T_2$  的定量估计在5.3和表5.4中。运行时间显示在表5.2中。在所有的  $T_1$  和  $T_2$  参数图中, 为了更好的视觉效果, 用于填充体模的背景中的水信号被人为的抑制。

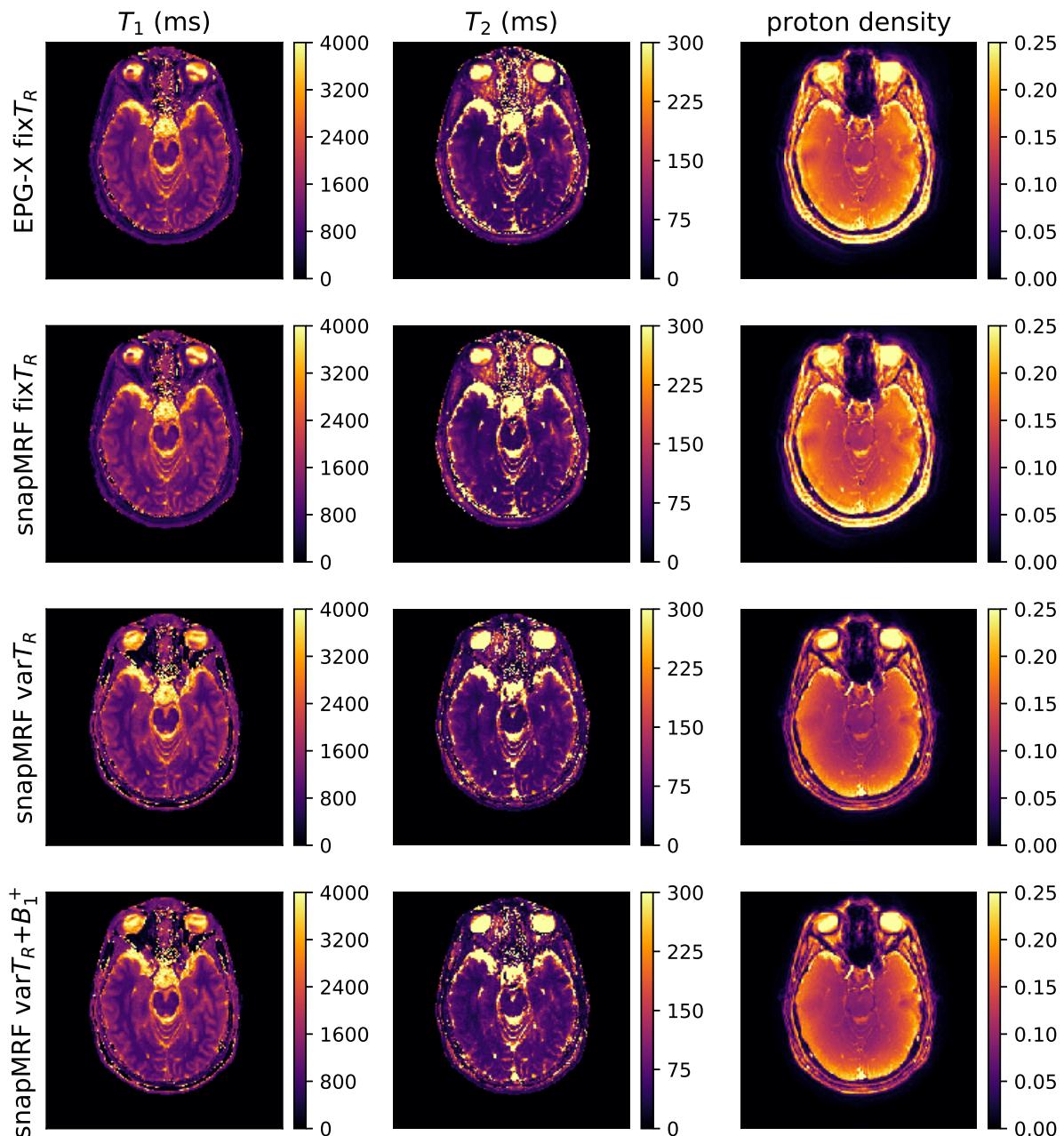


图 5.3 snapMRF 和 EPG-X 在活体人脑数据上参数准确度的比较。第一行：EPG-X 使用固定  $T_R$  生成的参数图。从左到右分别为  $T_1$ ,  $T_2$  和质子密度。第二行到第四行为 snapMRF 的重建结果，使用的序列分别为固定  $T_R$ 、变化  $T_R$  和考虑  $B_1^+$  的变化  $T_R$ 。运行时间显示在表5.2中。所有的序列下，snapMRF 都可以得到质量较好的图像。

## 5.7 实验分析

在本文中，我们基于 MRF 字典生成与模板匹配运行时间慢的缺点，推出了一款新的基于 GPU 的软件 snapMRF，用于 MRF 字典生成与模板匹配。snapMRF 可以快速并准确地生成参数图，当字典较小时，可以达到实时效果。与其他开源的软件相比，字典生成的速度提高了  $100\text{--}1000\times$ ，模板匹配的速度提高了  $10\text{--}100\times$ 。snapMRF 的另一个优势是它适用于不同类型的 MRF 序列，包括在 MRF 中经常使用的变化  $T_R$  序列与  $B_1^+$  校正。

snapMRF 可以达到神经网络的推断速度，并且运行时间与序列的选择无关。而且，如果研究人员仍然希望通过训练神经网络来进行参数图的重建，snapMRF 可以用来进行训练集，即字典的生成。另外，snapMRF 的快速度可以用来减少多个经历不同  $B_1^+$  振幅的位置的计算时间。这适用于图像射频场的变化，也适用于切片轮廓<sup>[106]</sup> 的变化。

snapMRF 中选择了 EPG 模型来进行字典的生成，主要原因除了 EPG 可以表征失相场这个特征之外，EPG 模型可以比较方便的加入其它因素的影响，比如化学位移 (chemical shift)、磁化转移 (magnetization transfer)<sup>[107]</sup>、运动、扩散等。目前 snapMRF 可以实现的使用变化  $T_R$  序列对  $B_1^+$  效应进行建模。之后我们会把前面提到的因素加入到 snapMRF 中。

snapMRF 全部在单一 GPU 上运行，但是 snapMRF 在未来也可以被设置为在多个 GPU 上运行，如<sup>[93]</sup> 中所用。理论上来说，snapMRF 的加速率会和 GPU 的个数成正比，因为在 snapMRF 中字典生成的平行计算是关于每个字典元素的，而模板匹配是关于每个指纹体素的。

## 5.8 本章小结

在本章中，我们首先介绍了磁共振指纹研究的背景意义和所存在的问题。针对 MRF 中字典生成与模板匹配速度慢的问题，我们开发了一款基于 GPU 的软件 snapMRF。我们给出了 snapMRF 的编程思路和主要流程，并简单介绍了核函数。我们将 snapMRF 与开源软件 EPG-X 和 PnP-MRF 进行了比较。运行时间上，snapMRF 整体提高了 MRF 生成参数图的速度，其中字典生成的速度提高了  $100\text{--}1000\times$ ，模板匹配的速度提高了  $10\text{--}100\times$ 。参数图精度上，由于可以处理多种 MRF 序列，snapMRF 可以生成更加精确地参数图。未来我们会在 snapMRF 中加入更多的功能，如切片轮廓等。



## 6 总结与展望

### 6.1 本文工作的总结

核磁共振成像 (MRI) 是现代医学最常用的成像手段，可以非侵入性地提供人体内组织的图像。核磁共振的成像速度一直是研究人员关心的问题，而利用压缩感知理论加速 MR 成像的方法已经被广泛地应用于临床和研究。在压缩感知的模型中，为动态 MR 图像选择合适的稀疏项是一个重要的问题，直接影响了重建图像的质量。核磁共振指纹 (MRF) 是定量磁共振成像的新方法，可以在单次数据采集中同时获得多种组织参数。但是由于 MRF 的字典生成速度和模板匹配的速度一般十分耗时，对计算机的内存和存储都是巨大的负担。因此如何快速并精确地生成字典并进行字典匹配是一个亟待解决的问题。本文针对以上问题，研究的内容和创新点主要体现在以下几个方面：

1. 针对低阶 TV 正则项导致阶梯效应和边缘模糊的缺点，并且利用图像分解的思想，提出了基于二阶 TGV 和核范数的重建模型。模型将图像分解为低秩部分和稀疏部分，其中低秩部分用核范数约束，稀疏部分用二阶 TGV 约束。文章同时对比了 8 中不同的稀疏项对重建结果的影响。实验结果表明，我们提出的模型可以提高图像信噪比，保持图像边缘，并且尤其适用于胸部 DCE-MRI 图像中。

2. 如何选择胸部 DCE-MRI 压缩感知模型中时间方向的稀疏项一直是未知的，为此我们针对胸部 DCE-MRI 图像，比较了 5 种不同的时间方向的稀疏项，并对重建结果进行了定量分析。这 5 种稀疏项分别为傅里叶变换、希尔小波变换、全变差、二阶 TGV 和核范数。所有模型都使用实验结果表明，核范数可以得到最高的信噪比，而 TV/二阶 TGV 可以得到最精确地定量分析。因此，对于胸部 DCE-MRI，选择 TV/二阶 TGV 作为稀疏项可以更好地重建病灶部分，而选择核范数则可以整体提高图像的信噪比。

3. 针对 MRF 中字典生成和模板匹配速度慢的缺点，我们利用图形处理单元进行 MRF 字典的生成和匹配，并开发了一款开源软件 snapMRF。软件基于 NVIDIA 公司的底层框架 CUDA，使用 C 语言编写。snapMRF 可以快速并准确地重建参数图，并且适用于不同的 MR 序列。相比于其他 MRF 开源软件，如 EPG-X (基于 CPU 的 MATLAB 语言编写) 和 pnp-mrf (基于 CPU 的 C 语言编写)，snapMRF 的字典生成速度提高了 10-1000 $\times$ ，字典匹配速度提高了 10-100 $\times$ 。对于较小的字典，可以达到实时的效果。

### 6.2 下一步一些展望

1. 本文重点研究了压缩感知在动态 MR 图像重建中的应用，没有考虑其他类型的医学图像，如计算机断层扫描、超声造影、正电子成像等。我们可以将本文的模型应用到上述图像中，这也是值得考虑的事情。

2. 第三章中所使用到的程序均用 MATLAB 编写，并且在 CPU 上运行。因此程序运行速度较慢，通常重建一例图像需要 10-20 分钟。可以考虑使用 GPU 来进行加速，由于我们在第四章已经有了使用 GPU 编程的经验，这一点应该是很容易实现的。

3. 近几年，深度学习在图像处理领域中变得十分火热，并且以后研究将其应用在压缩感知和 MRF 的参数图重建中。所以如何利用深度神经网络来进行压缩感知的重建和 MRF 参数图的重建也是一个十分有趣的问题。

## 致 谢

值此论文完成之际，谨在此向多年来给予我关心和帮助的老师、同学、朋友和家人表示衷心的感谢！

首先，我要感谢我的导师杨孝平教授，感谢杨老师在我读博期间给予我的无私帮助和关怀。是他把我领入了图像处理中的数学问题这一领域，本论文的选题、攻关到最终完成，都凝聚着老师的心血，浸透着老师的汗水，他孜孜不倦的工作热情是我学习的榜样。杨老师工作繁忙，但每周都会安排讨论班，不仅拓展了我们的研究广度，还创造了良好的学术氛围。杨老师不仅知识渊博，高瞻远瞩，治学严谨，而且平易近人，品德谦逊，让我受益匪浅，终生难忘，从他身上我学会了许多做学问和为人处世的道理，这将激励我不断追求更高的目标。这里再次向杨老师表示衷心的感谢，师生情谊，难忘终生。

感谢美国范德比尔特大学的 Akram Aldroubi 教授和 David Smith 教授对我在美国访学期间的悉心指导和关怀，这一年的经历增加了我对科研的热爱，同时感谢组里的唐穗博士和 Amernak 博士对我在学习和生活上的帮助，帮助我解决了许多问题，也提供了很多富有建设性的想法和讨论。

感谢教研室和我一起学习的师兄妹们：李旭、贵鹿颖、高益铭、钱春俊、谷亚楠、聂梓伟、王钦霞、张梦璐、李渊强和吴宇霆等陪我度过了快乐的博士生涯，给我留下了美好的回忆，使我在紧张的学习之余有了丰富的课余生活，也感谢他们在学习和生活上给予的帮助。

我要深深地感谢我的父母和家人，感谢他们这么多年的理解与支持，感谢他们一直默默地关心我、帮助我，正是他们始终如一的奉献，才使我顺利地完成了学业。在今后的科研工作中，我必会更加努力，来回报你们对我的爱。

最后，再次感谢所有帮助过我的老师和朋友。



## 参考文献

- [1] Tsai C, G. Nishimura D. Reduced aliasing artifacts using variable-density k-space sampling trajectories[J]. Magnetic resonance in medicine, 2000, 43(3):452–845.
- [2] Marseille G, de Beer R, Fuderer M, et al. Nonuniform Phase-Encode Distributions for MRI Scan Time Reduction[J]. Journal of Magnetic Resonance Series B, 1996, 111(1):70–75.
- [3] Greiser A, von Kienlin M. Efficient k-Space Sampling by Density-Weighted Phase-Encoding[J]. Magnetic resonance in medicine, 2003, 50(6):1266–1275.
- [4] McGibney G, Smith M, T Nichols S, et al. Quantitative Evaluation of Several Partial Fourier Reconstruction Algorithms Used in MRI[J]. Magnetic resonance in medicine, 1993, 30(1):51–59.
- [5] P. Pruessmann K, Weiger M, Scheidegger M, et al. SENSE: sensitivity encoding for fast MRI[J]. Magnetic resonance in medicine, 1999, 42(5):952–962.
- [6] Sodickson D, J. Manning W. Simultaneous acquisition of spatial harmonics (SMASH): Fast imaging with radiofrequency coil arrays[J]. Magnetic resonance in medicine, 1997, 38(4):591–603.
- [7] Griswold M, Jakob P, Heidemann R, et al. Generalized Autocalibrating Partially Parallel Acquisitions (GRAPPA)[J]. Magnetic resonance in medicine, 2002, 47(6):1202–1210.
- [8] Madore B, H. Glover G, Pelc N. Unaliasing by Fourier-Encoding the overlaps using temporal dimension (UNFOLD), applied to cardiac imaging and fMRI.[J]. Magnetic resonance in medicine, 1999, 42(5):813–828.
- [9] Tsao J, Boesiger P, P Pruessmann K. k-t BLAST and k-t SENSE: Dynamic MRI with high frame rate exploiting spatiotemporal correlations[J]. Magnetic resonance in medicine, 2003, 50(5):1031–1042.
- [10] Candès E J, Romberg J, Tao T. Robust uncertainty principles: exact signal reconstruction from highly incomplete frequency information[J]. IEEE Transactions on Information Theory, 2006, 52(2):489–509.
- [11] Donoho D L. Compressed sensing[J]. IEEE Transactions on Information Theory, 2006, 52(4):1289–1306.
- [12] Shannon C. Communication In The Presence Of Noise[J]. Proceedings of the IRE, 1949, 86(2):10–21.

- [13] Ma D, Gulani V, Seiberlich N, et al. Magnetic Resonance Fingerprinting[J]. *Nature*, 2013, 495(7440):187–192.
- [14] Needell D, Tropp J. CoSaMP: iterative signal recovery from incomplete and inaccurate samples.[J]. *Applied and Computational Harmonic Analysis*, 2008, 26(3):301–321.
- [15] Chen S, Donoho D. Basis pursuit[C]//Proceedings of 1994 28th Asilomar Conference on Signals, Systems and Computers. Pacific Grove, CA, USA: IEEE, 1994, 1:41–44.
- [16] H. Bauschke H, Combettes P. Convex Analysis and Monotone Operator Theory in Hilbert Space[M]. New York: Springer, 2011.
- [17] Combettes P, R. Wajs V. Signal Recovery by Proximal Forward-Backward Splitting[J]. *Multiscale Modeling & Simulation*, 2005, 4(4):1168–1200.
- [18] Goldstein T, Osher S. The Split Bregman Method for L1-Regularized Problems[J]. *SIAM J. Imaging Sciences*, 2009, 2(2):323–343.
- [19] Wang Y, Yang J, Yin W, et al. A New Alternating Minimization Algorithm for Total Variation Image Reconstruction[J]. *SIAM J. Imaging Sciences*, 2008, 1(3):248–272.
- [20] Combettes P, Pesquet J C. A Douglas–Rachford Splitting Approach to Nonsmooth Convex Variational Signal Recovery[J]. *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing*, 2008, 1(4):564–574.
- [21] Beck A, Teboulle M. A Fast Iterative Shrinkage-Thresholding Algorithm for Linear Inverse Problems[J]. *SIAM J. Imaging Sciences*, 2009, 2(1):183–202.
- [22] Chambolle A, Pock T. A First-Order Primal-Dual Algorithm for Convex Problems with Applications to Imaging[J]. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 2011, 40(1):120–145.
- [23] Lustig M, Santos J M, Donoho D L, et al. kt SPARSE: High frame rate dynamic MRI exploiting spatio-temporal sparsity[C]//Proceedings of the 13th Annual Meeting of ISMRM. Seattle, WA, USA: ISMRM, 2006, 2420.
- [24] Ma S, Yin W, Zhang Y, et al. An efficient algorithm for compressed MR imaging using total variation and wavelets[C]//Proceedings IEEE Conference on Computer Vision Pattern Recognition. Anchorage, AK, USA: IEEE, 2008:1–8.
- [25] Yang J, Yin Z, Yin W. A Fast Alternating Direction Method for TVL1-L2 Signal Reconstruction From Partial Fourier Data[J]. *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing*, 2010, 4(2):288–297.
- [26] Chen C, Huang J. Compressive sensing MRI with wavelet tree spar-

- sity[C]//Advances in neural information processing systems. Nevada: NIPS, 2012:1115–1123.
- [27] Saiprasad R, Yoram B. MR image reconstruction from highly undersampled k-space data by dictionary learning[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2011, 30(5):1028–1041.
- [28] Aharon M, Elad M, Bruckstein A. K-SVD: An Algorithm for Designing Overcomplete Dictionaries for Sparse Representation[J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2006, 54(11):4311–4322.
- [29] Yang Y, Sun J, Li H, et al. ADMM-Net: A deep learning approach for compressive sensing MRI[J]. arXiv preprint arXiv:1705.06869, 2017.
- [30] Hyun C, Kim H, Min Lee S, et al. Deep learning for undersampled MRI reconstruction[J]. Physics in Medicine and Biology, 2017, 63(13):135007.
- [31] Hammernik K, Klatzer T, Kobler E, et al. Learning a Variational Network for Reconstruction of Accelerated MRI Data[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2017, 79(6):3055–3071.
- [32] Quan T M, Nguyen-Duc T, Jeong W K. Compressed Sensing MRI Reconstruction Using a Generative Adversarial Network With a Cyclic Loss[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2018, 37(6):1488–1497.
- [33] Lustig M, Donoho D, Pauly J M. Sparse MRI: The application of compressed sensing for rapid MR imaging[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2010, 58(6):1182–1195.
- [34] Hong J, Kyunghyun S, Nayak K S, et al. k-t FOCUSS: a general compressed sensing framework for high resolution dynamic MRI.[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2010, 61(1):103–116.
- [35] Sajan Goud L, Yue H, Edward D B, et al. Accelerated dynamic MRI exploiting sparsity and low-rank structure: k-t SLR[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2011, 30(5):1042–1054.
- [36] Feng L, Grimm R, Tobias Block K, et al. Golden-Angle Radial Sparse Parallel MRI: Combination of Compressed Sensing, Parallel Imaging, and Golden-Angle Radial Sampling for Fast and Flexible Dynamic Volumetric MRI[J]. Magnetic resonance in medicine, 2014, 72(3):707–717.
- [37] Ricardo O, Emmanuel C, Sodickson D K. Low-rank plus sparse matrix decomposition for accelerated dynamic MRI with separation of background and dynamic components[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2015, 73(3):1125–1136.
- [38] D Elster A. Gradient-echo MR imaging: Techniques and acronyms[J]. Radiology,

- 1993, 186(1):1–8.
- [39] Jiang Y, Ma D, Seiberlich N, et al. MR fingerprinting using fast imaging with steady state precession (FISP) with spiral readout[J]. Magnetic resonance in medicine, 2015, 74(6):1621–1631.
- [40] Rieger B, Zimmer F, Zapp J, et al. Magnetic resonance fingerprinting using echo-planar imaging: Joint quantification of T1 and T2\* relaxation times[J]. Magnetic resonance in medicine, 2016, 78(5):1724–1733.
- [41] Jiang Y, Ma D, Jerecic R, et al. MR fingerprinting using the quick echo splitting NMR imaging technique[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2016, 77(3):979–988.
- [42] Weigel M. Extended phase graphs: Dephasing, RF pulses, and echoes—pure and simple[J]. Journal of Magnetic Resonance Imaging, 2015, 41(2):266–295.
- [43] Cauley S F, Setsompop K, Ma D, et al. Fast group matching for MR fingerprinting reconstruction[J]. Magnetic resonance in medicine, 2015, 74(2):523–528.
- [44] Yang M, Ma D, Jiang Y, et al. Low rank approximation methods for MR fingerprinting with large scale dictionaries: Large Scale Low Rank MR Fingerprinting[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2017, 79(4):2392–2400.
- [45] Davies M, Puy G, Vandergheynst P, et al. A compressed sensing framework for magnetic resonance fingerprinting[J]. SIAM Journal on Imaging Sciences, 2014, 7(4):2623–2656.
- [46] Cline C C, Chen X, Mailhe B, et al. AIR-MRF: accelerated iterative reconstruction for magnetic resonance fingerprinting[J]. Magnetic resonance imaging, 2017, 41:29–40.
- [47] Pierre E Y, Ma D, Chen Y, et al. Multiscale reconstruction for MR fingerprinting[J]. Magnetic resonance in medicine, 2016, 75(6):2481–2492.
- [48] Wang Z, Li H, Zhang Q, et al. Magnetic Resonance Fingerprinting with compressed sensing and distance metric learning[J]. Neurocomputing, 2016, 174:560–570.
- [49] Cohen O, Zhu B, Rosen M S. MR fingerprinting deep reconstruction network (DRONE)[J]. Magnetic resonance in medicine, 2018, 80(3):885–894.
- [50] Hoppe E, Körzdörfer G, Würfl T, et al. Deep Learning for Magnetic Resonance Fingerprinting: A New Approach for Predicting Quantitative Parameter Values from Time Series.[J]. Studies in health technology and informatics, 2017, 243:202.
- [51] Balsiger F, Konar A S, Chikop S, et al. Magnetic resonance fingerprinting reconstruction via spatiotemporal convolutional neural networks[C]//International Workshop on Machine Learning for Medical Image Reconstruction. Granada, Spain:

- Springer, 2018:39–46.
- [52] 祖栋林. 核磁共振成像学 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2004.
- [53] 乔梁, 涂光忠. NMR 核磁共振 [M]. 北京: 化学工业出版社, 2009.
- [54] Haacke E M, Brown R W, Thompson M R, et al. Magnetic resonance imaging: physical principles and sequence design[M]. New York: Wiley-Liss, 1999.
- [55] Bloch F. Nuclear Induction[J]. Physical Review, 1946, 70(7-8):460–474.
- [56] Zhao B, P. Haldar J, Christodoulou A, et al. Image Reconstruction from Highly Undersampled  $(k, t)$ -Space Data with Joint Partial Separability and Sparsity Constraints[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2012, 31(9):1809–20.
- [57] Gamper U, Boesiger P, Kozerke S. Compressed sensing in dynamic MRI[J]. Magnetic resonance in medicine, 2008, 59(2):365–73.
- [58] Qiu C, Lu W, Vaswani N. Real-time Dynamic MR Image Reconstruction Using Kalman Filtered Compressed Sensing[C]//ICASSP. Washington, DC, USA: IEEE Computer Society, 2009:393–396.
- [59] Knoll F, Bredies K, Pock T, et al. Second order total generalized variation (TGV) for MRI[J]. Magnetic resonance in medicine, 2011, 65(2):480–91.
- [60] Meyer Y. Oscillating Patterns in Image Processing and Nonlinear Evolution Equations: The Fifteenth Dean Jacqueline B. Lewis Memorial Lectures[M]. Boston, MA, USA: American Mathematical Society, 2001.
- [61] Ma L, Xu L, Zeng T. Low Rank Prior and Total Variation Regularization for Image Deblurring[J]. J. Sci. Comput., 2017, 70(3):1336–1357.
- [62] Gao Y, Bredies K. Infimal Convolution of Oscillation Total Generalized Variation for the Recovery of Images with Structured Texture[J]. SIAM Journal on Imaging Sciences, 2017, 11(3):2021–2063.
- [63] Zonoobi D, Roohi S F, Kassim A A. Low-rank and sparse matrix decomposition with a-priori knowledge for dynamic 3D MRI reconstruction[J]. arXiv preprint arXiv:1411.6206, 2014.
- [64] Chen J, Liu S, Huang M. Low-Rank and Sparse Decomposition Model for Accelerating Dynamic MRI Reconstruction[J]. Journal of Healthcare Engineering, 2017, 2017:1–9.
- [65] Ma J, Wang X Y, Zhang Z W, et al. A total variation regularization low-rank and sparse matrix decomposition based reconstruction method of dynamic MRI images[J]. Journal of Optoelectronics · Laser, 2016, 27:87–96.
- [66] Lin X X, Xia L Y, Liang Y, et al. Low-rank and sparse matrix decomposition based

- on S1/2 and L1/2 regularizations in dynamic MRI[C]//IPTA. Oulu, Finland: IEEE, 2016:1–6.
- [67] Yao J, Xu Z, Huang X, et al. An Efficient Algorithm for Dynamic MRI Using Low-Rank and Total Variation Regularizations[J]. Medical Image Analysis, 2017, 44:14–27.
- [68] Attouch H, Brézis H. Duality for the Sum of Convex Functions in General Banach Spaces[J]. Aspects of Mathematics and Its Applications, 1986, 34:125–133.
- [69] Sharif B, Bresler Y. Adaptive real-time cardiac MRI using PARADISE: Validation by the physiologically improved NCAT phantom[C]//IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro. Arlington, TX, USA: IEEE, 2007:1020–1023.
- [70] Segars W P, Tsui B M. Study of the efficacy of respiratory gating in myocardial SPECT using the new 4-D NCAT phantom[J]. IEEE Transactions on Nuclear Science, 2002, 49(3):675–679.
- [71] Yankelev T E, Gore J C. Dynamic Contrast Enhanced Magnetic Resonance Imaging in Oncology: Theory, Data Acquisition, Analysis, and Examples.[J]. Curr Med Imaging Rev, 2009, 3(2):91–107.
- [72] van Vaals J J, Brummer M E, Dixon W T, et al. Keyhole method for accelerating imaging of contrast agent uptake[J]. Journal of Magnetic Resonance Imaging, 1993, 3(4):671–675.
- [73] Hong J, Kyunghyun S, Nayak K S, et al. k-t FOCUSS: a general compressed sensing framework for high resolution dynamic MRI.[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2010, 61(1):103–116.
- [74] Jeffrey T, Peter B, Pruessmann K P. k-t BLAST and k-t SENSE: dynamic MRI with high frame rate exploiting spatiotemporal correlations.[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2003, 50(5):1031–1042.
- [75] Smith D, Li X, Abramson R, et al. Potential of compressed sensing in quantitative MR imaging of cancer[J]. Cancer imaging, 2013, 13(4):633–44.
- [76] Han S, Paulsen J, Zhu G, et al. Temporal/spatial resolution improvement of in vivo DCE-MRI with compressed sensing-optimized FLASH[J]. Magnetic resonance imaging, 2012, 30(6):741–52.
- [77] Chen L, Schabel M, Dibella E. Reconstruction of dynamic contrast enhanced magnetic resonance imaging of the breast with temporal constraints[J]. Magnetic resonance imaging, 2010, 28(5):637–45.
- [78] Ji J, Lang T. Dynamic MRI with compressed sensing imaging using temporal cor-

- relations[C]//IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro. Paris: IEEE, 2008:1613–1616.
- [79] Smith D, Welch E, Li X, et al. Quantitative effects of using compressed sensing in dynamic contrast enhanced MRI[J]. Physics in medicine and biology, 2011, 56(15):4933–46.
- [80] Smith D, Li X, V Gambrell J, et al. Robustness of Quantitative Compressive Sensing MRI: The Effect of Random Undersampling Patterns on Derived Parameters for DCE- and DSC-MRI[J]. IEEE transactions on medical imaging, 2012, 31(2):504–11.
- [81] Lustig M, Donoho D L, Santos J M, et al. Compressed Sensing MRI[J]. IEEE Signal Processing Magazine, 2008, 25(2):72–82.
- [82] I. Rudin L, Osher S, Fatemi E. Nonlinear total variation based noise removal algorithms[J]. Physica D: Nonlinear Phenomena, 1992, 60(1-4):259–268.
- [83] Li X, Abramson R, Arlinghaus L, et al. Multiparametric Magnetic Resonance Imaging for Predicting Pathological Response After the First Cycle of Neoadjuvant Chemotherapy in Breast Cancer[J]. Investigative radiology, 2014, 50(4):195–204.
- [84] Tofts P, Brix G, L. Buckley D, et al. Estimating kinetic parameters from dynamic contrast-enhanced T1- weighted MRI of a diffusible tracer: Standardized quantities and symbols[J]. Journal of magnetic resonance imaging, 1999, 10(3):223–32.
- [85] Smith D, Li X, Arlinghaus L, et al. DCEMRI.jl: A fast, validated, open source toolkit for dynamic contrast enhanced MRI analysis[J]. PeerJ, 2015, 3:e909.
- [86] Wang D. Quantitative Evaluation of Temporal Regularizers in Compressed Sensing Dynamic Contrast Enhanced MRI of the Breast[OL]. <https://github.com/chixindebaoyu/qetsr>. [Online; accessed 25-June-2017].
- [87] European Society of Radiology (ESR). Magnetic Resonance Fingerprinting—a promising new approach to obtain standardized imaging biomarkers from MRI[J]. Insights into Imaging, 2015, 6(2):163–165.
- [88] Bipin Mehta B, Coppo S, McGivney D, et al. Magnetic resonance fingerprinting: a technical review[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2019, 81(1):25–46.
- [89] Malik S J, Teixeira R P A, Hajnal J V. Extended phase graph formalism for systems with magnetization transfer and exchange: EPG-X: Extended Phase Graphs With Exchange[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2018, 80(2):767–779.
- [90] Knoll F, Unger M, Diwoky C, et al. Fast reduction of undersampling artifacts in radial MR angiography with 3D total variation on graphics hardware[J]. Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine, 2010, 23(2):103–114.

- [91] Després P, Jia X. A review of GPU-based medical image reconstruction[J]. *Physica Medica*, 2017, 42:76–92.
- [92] Sørensen T S, Schaeffter T, Noe K Ø, et al. Accelerating the nonequispaced fast Fourier transform on commodity graphics hardware[J]. *IEEE Transactions in Medical Imaging*, 2008, 27(4):538–547.
- [93] Smith D S, Sengupta S, Smith S A, et al. Trajectory optimized NUFFT: Faster non-Cartesian MRI reconstruction through prior knowledge and parallel architectures[J]. *Magnetic Resonance in Medicine*, 2019, 81(3):2064–2071.
- [94] Vasilevsky N A, Brush M H, Paddock H, et al. On the reproducibility of science: unique identification of research resources in the biomedical literature[J]. *PeerJ*, 2013, 1:e148.
- [95] Open Science Collaboration. Estimating the reproducibility of psychological science[J]. *Science*, 2015, 349(6251):aac4716.
- [96] Collins F S, Tabak L A. Policy: NIH plans to enhance reproducibility[J]. *Nature*, 2014, 505(7485):612–613.
- [97] Begley C G, Ioannidis J P. Reproducibility in Science[J]. *Circulation Research*, 2015, 116(1):116–126.
- [98] Smith, David S. RawArray file format reference implementation[OL]. <http://github.com/davidssmith/ra>. [Online; accessed 12-May-2018].
- [99] Hargreaves, B. Bloch Equation Simulation[OL]. <http://mrsrl.stanford.edu/~brian/bloch>. [Online; accessed 25-January-2019].
- [100] Keenan K E, Stupic K F, Boss M A, et al. Comparison of T1 measurement using ISMRM/NIST system phantom[C]//Proceedings of ISMRM 24th Annual Meeting. Singapore: ISMRM, 2016.
- [101] Pipe J G, Zwart N R. Spiral trajectory design: A flexible numerical algorithm and base analytical equations[J]. *Magnetic Resonance in Medicine*, 2014, 71(1):278–285.
- [102] Uecker M, Ong F, Tamir J I, et al. Berkeley advanced reconstruction toolbox[C]//Proceedings of ISMRM 23rd Annual Meeting. Toronto, Ontario, Canada: ISMRM, 2015, 23:2486.
- [103] Zwart N R, Johnson K O, Pipe J G. Efficient sample density estimation by combining gridding and an optimized kernel[J]. *Magnetic Resonance in Medicine*, 2012, 67(3):701–710.
- [104] Cloos M A, Knoll F, Zhao T, et al. Multiparametric imaging with heterogeneous radiofrequency fields[J]. *Nature communications*, 2016, 7(12445).

- [105] Wang, Dong and Ostenson, Jason and Smith, David S. snapMRF repository[OL].  
<http://github.com/chixindebaoyu/snapMRF>. [Online; accessed 03-Mar-2019].
- [106] Ma D, Coppo S, Chen Y, et al. Slice profile and B1 corrections in 2D magnetic resonance fingerprinting[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2017, 78(5):1781–1789.
- [107] Hamilton J I, Griswold M A, Seiberlich N. MR Fingerprinting with chemical exchange (MRF-X) to quantify subvoxel T1 and extracellular volume fraction[J]. Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance, 2015, 17(1):W35.



## 附录

### 攻读博士学位期间发表的论文和出版著作情况：

- [1] Dong Wang, Lori R. Arlinghaus, Thomas E. Yankeelov, Xiaoping Yang, and David S. Smith. Quantitative Evaluation of Temporal Regularizers in Compressed Sensing Dynamic Contrast Enhanced MRI of the Breast. 2017. Accepted. doi: 10.1155/2017/7835749.
- [2] Dong Wang, Jason Ostenson, and David S. Smith. snapMRF: GPU-Accelerated Magnetic Resonance Fingerprinting Dictionary Generation and Matching using Extended Phase Graphs. Submitted.
- [3] Dong Wang and Xiaoping Yang. Compressed sensing based DCE-MRI of the breast reconstruction using low rank and sparse decomposition. Submitted.

### 攻读博士学位期间参加的科学情况：

- [1] 参与了国家自然科学基金重大研究计划培育项目“高阶非线性偏微分方程图像模型及其基础算法”(项目编号：91330101, 2014.01-2016.12, 杨孝平教授主持)
- [2] 参与了国家自然科学基金重点项目“基于医学影像的病灶识别的数学方法及理论”(项目编号：11531005, 2016.01-2020.12, 杨孝平教授主持)