一种针对超复数磁共振波谱的低秩重建方法

一.成果完成人及所在单位： 郭毅，计算机与信息工程学院 指导教师：郭迪

二.成果简介：

磁共振波谱是揭示物理、化学和分子结构信息的重要工具。超复数磁共振波谱可提高谱图分辨率，然而其波谱数据更复杂，对重建算法的要求也更高，传统重建方法不适用，因此我们提出一种针对超复数磁共振波谱的低秩重建方法，将数据构建为超复数 Hankel 矩阵，并采用交替方向乘子法进行求解，重建质量明显优于传统重建方式。相关成果发表在 SCI 二区期刊《*Signal Processing*》上。

三. 主要研究内容及创新点：

为了解决磁共振波谱的数据采集时间较长的问题，常采用非均匀采样的方式并利用数据的低秩特性重建波谱。以超复数磁共振波谱为研究对象，将 Hankel 矩阵低秩重建方法与超复数低秩求解方法结合，提出了一种针对超复数磁共振波谱的超复数低秩重建方法。传统重建方法如单分量低秩(Separate component Low Rank, SLR)将每个分量单独进行重建，因为没有利用不同分量之间的冗余信息导致重建中的光谱失真。在这项工作中，我们提出了一种基于超复数磁共振波谱的快速重建算法(hypercomplex low rank Hankel matrix factorization，HLRF)方法:

$$\min_{\mathbf{U},\mathbf{V}} \frac{1}{2}\left(\|\mathbf{U}\|_F^2+\|\mathbf{V}\|_F^2\right)+\frac{\lambda}{2}\left\|\dot{\mathbf{Y}}-\hat{\mathrm{P}}_\Omega\dot{\mathbf{X}}\right\|_F^2 \quad \text{s.t. } \mathbf{P}\left(\hat{\mathbf{B}}\dot{\mathbf{X}}\right)=\mathbf{U}\mathbf{V}^H. \tag{1}$$

其中，$\mathbf{U}$和$\mathbf{V}$代表两个分解矩阵，$\cdot^H$ 代表共轭转置，$\dot{\mathbf{X}}$ 代表重建的全采样超复数信号(包含四个分量)，$\dot{\mathbf{Y}}$ 是获取到的欠采样填零超复数 FID 信号，$\hat{\mathcal{P}}_\Omega$ 是欠采样算子，Ω代表采样空间，正则化参数λ控制数据保真度和低秩约束之间的权衡，$\|\cdot\|_F$ 代表 F 范数，$\hat{\mathbf{B}}$ 算子将 2D 超复数数据构造为超复数 Hankel 矩阵(图 1)。在对 GB1-HttNTQ7 蛋白质进行重建测试中，所提方法的效果要优于传统 SLR 方法。

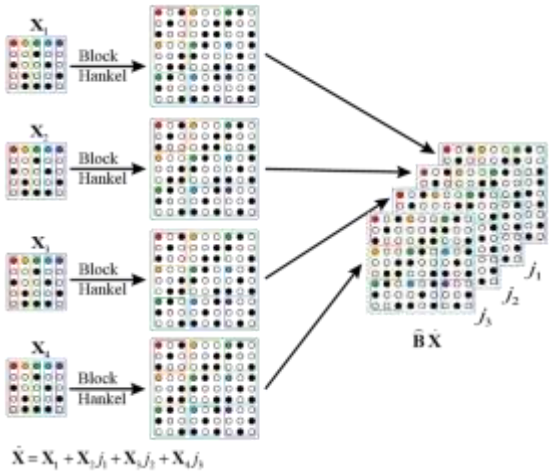


图 1. 超复数 Hankel 矩阵构造示意图。

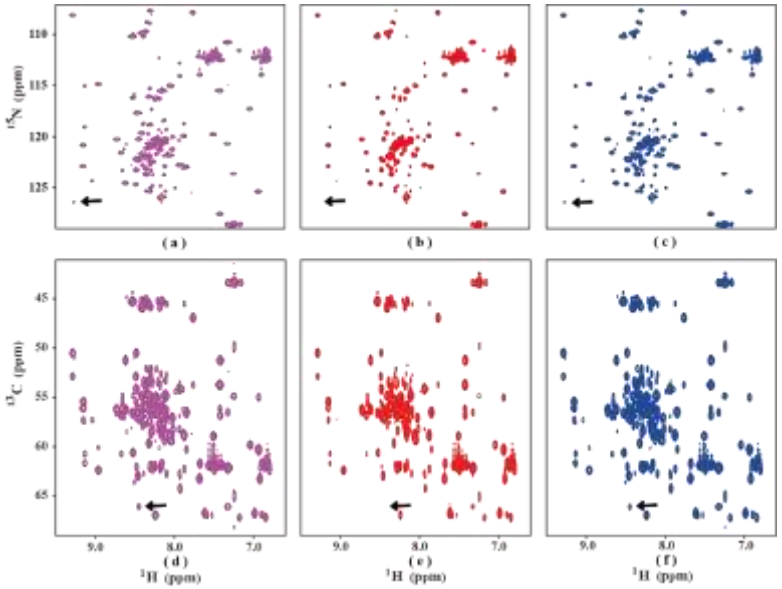


图 2. GB1-HttNTQ7 蛋白质重建结果. (a)和(d)为全采样谱，(b)和(e)为 SLR 重建谱，(c)和(f)为 HLRF 重建谱。

四. 主要研究成果及应用情况

在 SCI 二区期刊“*Signal Processing*”发表论文一篇，第一作者

联系人：郭毅， 电 话：17623239762 Email: guoyi3299@live.com