

MM アルゴリズムを用いた 4 次元 PET 画像再構成の高速化

湯浅 義尚[†] 松村 海飛[‡] 横田 達也[‡] 大島 聡史^{†3} 本谷 秀堅[‡] 片桐 孝洋^{†3}永井 亨^{†3}名古屋大学 情報学部コンピュータ科学科[†] 名古屋工業大学 大学院工学研究科[‡]名古屋大学 情報基盤センター^{†3}

1. はじめに

Positron Emission Tomography (PET) は患者の生体内における放射性薬剤の分布を測定することで生体内の代謝過程などの生体分子機構を観察する手法である。医用画像処理において PET 画像は観測されたサイノグラムと呼ばれるデータをもとに再構成されるが、大きいデータや計算量の大きいアルゴリズムを扱うために GPU の利用による高速化への期待が大きい。

横田ら[1]は非負値行列因子分解 (NMF) と Deep Image Prior (DIP) を利用する新しい手法を提案し、従来よりも高精度な再構成を実現した。さらに松村ら[2]は、再構成処理の中で勾配降下法の代わりに MM アルゴリズムを用いることで、従来よりも安定した PET 画像の再構成を可能にした。

本研究ではこの MM アルゴリズムを用いた改良版の 4 次元 PET 画像再構成コードに対して、いくつかの高速化手法を適用し性能評価を行う。

2. 4 次元 PET 画像再構成

4 次元 PET 画像再構成アルゴリズムの概観を図 1 に示す。

PET 画像は観測されたサイノグラムというデータを入力として以下の処理を繰り返すことで得られる。

- Step1. 入力データにノイズを加える
- Step2. U-Net のパラメータ θ を更新
- Step3. 各空間基底 A を正規化
- Step4. 乗法更新式により B を更新

従来の手法では Step4 において B の更新に勾配降下法を用いていたが、勾配降下法の問題点として収束が遅いことや、ステップサイズの値によっては最適解が得られないことが挙げられる。

Acceleration of 4D PET image reconstruction using MM algorithm

[†] Yoshinao Yuasa, Department of Computer Science, School of Informatics, Nagoya University

[‡] Kaito Matsumura, Tatsuya Yokota, Hidekata Hontani, Graduate School of Engineering, Nagoya Institute of Technology

^{†3} Satoshi Ohshima, Takahiro Katagiri, Toru Nagai, Information Technology Center, Nagoya University

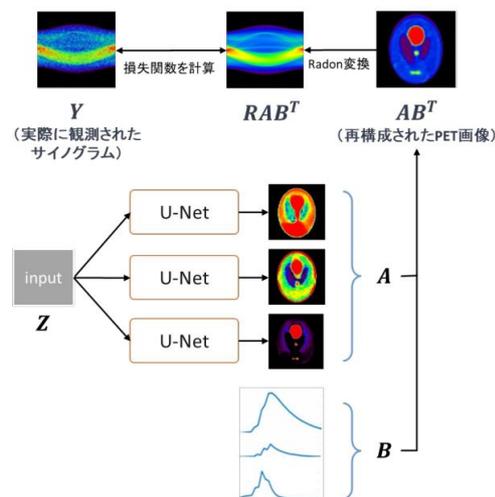


図 1 再構成アルゴリズムの概観

一方 MM アルゴリズムは、ステップサイズが不要であり、解候補点列が単調減少であるという特徴を有する。そのため勾配降下法よりも安定して良い解に収束することが期待できる。

そこで本研究では MM アルゴリズムを用いた手法に対して高速化を行う。以下、[2]による MM アルゴリズムを用いた PET 再構成手法をオリジナル版と呼ぶ。

3. 実行時間の最適化

3.1 ノイズ加算処理に関する最適化

オリジナル版では Step1 におけるノイズ加算処理にて $1 \times 128 \times 128 \times 63 \times 32$ と大きいテンソルに対するノイズ生成・加算を NumPy を用いて CPU で処理していた。これをオープンソースの GPU 向け汎用配列計算ライブラリである CuPy による演算に変更することで高速化をはかった。

3.2 処理全体の計算グラフ化

オリジナル版における各 Step の実装に用いているライブラリを見ると、Step2 および Step4 では TensorFlow が使われており、Step1 では NumPy (3.1 にて CuPy に変更)、Step3 では NumPy が用いられている。このようにそれぞれの処理で異なるライブラリを利用しているために、CPU と GPU 間で非効率な通信が発生しているため、すべての処理を TensorFlow の計算グラフとして実装

し、一度の session.run() で 1 ステップを実行できるように変更を行った。

3.3 入力データの計算グラフへの埋め込み

一般的な深層学習においては莫大な学習データを用いることから、それらをミニバッチごとに分割しデバイスへと転送する。しかし本研究で扱っている DIP は入力画像データとラベルデータそれぞれ 1 つのみを用いる手法であることから、この入力データをデバイスメモリに常に保持させておくことで、学習データの転送にかかる時間の短縮を図った。

3.4 U-Net の分散実行

図 1 で示したように計算グラフには並列な 3 つの U-Net を含んでおり、それぞれに 1 枚の GPU を割り当てれば順伝搬・逆伝搬の計算を並列に行うことができる。本研究では 4 枚の GPU を使い、3 つの U-Net それぞれに 1 枚ずつ、もう 1 枚は基本的な処理を行うものとし、そのデバイスメモリを最大限に活用するよう実装を行っている。

4. 実験

4.1 問題設定

サイノグラムのデータサイズは $128 \times 128 \times 63 \times 25$ 、 θ と B の更新部分の反復回数は 1000 回に固定して性能評価を行った。入力データサイズは $1 \times 128 \times 128 \times 63 \times 25$ である。

4.2 実験環境

名古屋大学情報基盤センター設置の GPU スパコンである「不老」Type II サブシステムを利用した。表 1 にスペックを示す。

表 1 評価環境

CPU	Intel Xeon Gold 6230 × 2
GPU	NVIDIA Tesla V100 × 4 (デバイスメモリ : 32GiB × 4, GPU 間接続 : NVLink2)
メインメモリ	384 GiB

4.3 実験結果

オリジナルのダイナミック PET 画像再構成コードに対して 3 節で示した最適化を順に実装した場合の 1 ステップ当たりの実行時間を図 2 に示す。「オリジナル実行」と「①の最適化」については①~④それぞれの実行時間が計測できるため内訳を示している。

表 2 から、3 節で示した 4 つの実行時間の最適化手法を実装することにより最大で 7.55 倍の高速化を達成した。

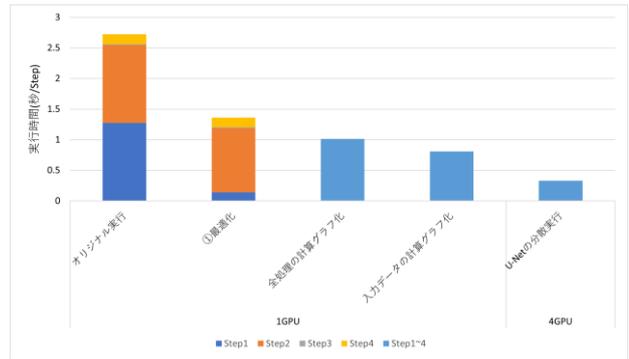


図 2 それぞれの最適化実装ごとの実行時間

表 2 高速化比率のまとめ

	オリジナル	①最適化	処理の統合	入力の統合	U-Net分散
高速化比率	1.00	1.83	2.47	3.07	7.55

5. まとめ

本研究では MM アルゴリズムを用いた 4 次元 PET 画像再構成コードに関して、GPU を用いた高速化を適用した。オリジナルのコードを 4 つのパートに分けそれぞれに対して検討を行い、ボトルネックを解消するための実装を行うことで大幅な高速化を達成した。またこのプログラムで用いられている複数の U-Net を、それぞれ 1 枚ずつ GPU に割り当てるマルチ GPU 実装も行った。このような実装により最大で 7.55 倍の高速化を達成した。以上により PET 画像再構成の高速化ができたとともに、医用画像処理分野における GPU スパコンの有用性を示すこともできた。

謝辞

本研究は、学際大規模情報基盤共同利用・共同研究拠点 (JHPCN) 及び JSPS 科研費 JP19H05662 の助成を受けたものです。

また、研究内容についてコメントを頂いた星野哲也准教授及び、GPU 向け最適化に協力頂いた杉浦拓未氏に感謝の意を表します。

参考文献

- [1] Tatsuya Yokota 他, “Dynamic PET Image Reconstruction Using Nonnegative Matrix Factorization Incorporated With Deep Image Prior,” Proceeding of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV), 2019.
- [2] 松村海飛 他, “ダイナミック PET 画像再構成における非負行列分解の安定な最適化”, 信号処理シンポジウム, 2022 年 12 月.