

中图法分类号: TP751 文献标志码: A 文章编号: 1006-8961(2011)05-0871-08  
论文索引信息: 陈胜勇. 柔性体点分布模型的时变插值算法 [J]. 中国图象图形学报, 2011, 16(5): 871-878

# 柔性体点分布模型的时变插值算法

陈胜勇

(浙江工业大学计算机科学与技术学院, 杭州 310023)

**摘要:** 相对于刚体, 柔性体的建模和分析比较复杂, 点分布模型是目前最有效的柔性体建模方法之一。然而, 在许多条件下, 需要依据研究对象的时间变化特性构建多个即时模型或者任意时刻的点分布模型。针对这种情况提出一种插值算法, 根据两个相邻的已知点分布模型生成某个中间时刻的过渡模型。以线性插值为例, 可以在任意给定时刻生成一个插入模型的平均形状和特征表达。其中, 平均形状可由前后相邻模型的线性组合计算得到, 而特征表达则需要根据相应协方差矩阵的特征向量分析得到。经过了计算机仿真和实际图像验证, 结果表明, 这种模型插值技术具有良好的可行性和实用价值。

**关键词:** 点分布模型; 模型插值; ASM; AAM; 柔性体; 图像处理

## Computing a middle model from multiple flexible models

Chen Shengyong

(College of Computer Science and Technology, Zhejiang University of Technology, Hangzhou 310023 China)

**Abstract:** The point distribution model is a powerful shape description technique and has enormous applications in a short time, especially for flexible or deformable model analysis in images. Initially, a model is generatively built by statistical analysis from a number of examples. In some applications, nevertheless, it allows building a set of models or continuous sequence of models since a single one is not well representing a highly changing object. This paper presents a method to compute such a middle time-point model which is formed from two neighboring models in runtime. In case of linear algorithm, the model parameters that have already given by PCA are determined in several steps. The methodology is validated with both computer simulation and practical experiments. Results indicate that it is worthwhile for its adoption in some complex modeling applications.

**Keywords:** point distribution model; middle model; ASM; AAM; deformable model; image processing

## 0 引言

柔性体相对于刚性体, 在计算机中进行建模和分析比较复杂, 而在现实生活中物体随时间柔性变化的情况是非常普遍的<sup>[1-3]</sup>。本文关心研究的许多生物医学组织, 如人脸、心脏、双手、骨骼、肾脏、大

脑、细胞等, 这些对象人们可以很好地描述其外部形状特征但却很难给出准确的刚性模型<sup>[4]</sup>。点分布模型(PDM)是一种较新的实用技术, 它能很好地描述研究对象的变形特征, 可以成功地应用于非刚性模型的分解与合成处理。近年来, 通过统计学建模与图像解释技术相结合的柔性体分析方法催生许多高级应用软件, 这些软件不仅针对生物医学, 还涉及

收稿日期: 2009-12-23; 修回日期: 2010-03-15

基金项目: 国家自然科学基金项目(60870002, 60802087); 新世纪优秀人才支持计划项目(NCET-07-0762); 浙江省科技厅计划项目(2010R10006, 2010C33095, R1110679)。

第一作者简介: 陈胜勇(1973—), 男, 教授, 博导。2003年获香港城市大学机器视觉专业博士学位, 主要研究方向为计算机视觉、图像处理、机器人。在国际期刊和会议上发表论文100多篇, SCI收录30篇。E-mail: sy@ieee.org, http://sychen.com.nu。

目标跟踪、识别以至影视等领域<sup>[5-6]</sup>。

PDM 是一种基于对象样本分析的统计模型。从 Cootes 等人开始,这种基于训练样本标记点的形体建模思想被一直贯彻下来<sup>[7]</sup>。最典型的想法是,使标记点自动配准以确定图形的位置和形变类型。配准后可以很容易比较同组标记点在不同例图中的位置变化,只需要通过计算它们的坐标就可以了。因而,PDM 模型对于形状的描述是通过轮廓点集来完成的,它主要由平均的形状及形状的变化两部分组成。通过对形状分布情况建模,可以随时生成与原始训练集相似的任意新形状。在 3 维空间,如果训练集图像中的每个目标图形都可由  $n$  个标记点描述,那么它可表示为一个  $3n$  维的向量(如果是 2 维对象则为  $2n$  维向量)。训练集通常要通过手工标记特征点完成,而且往往要收集数百名例柔性体的个例以得到比较好的统计结果<sup>[8-9]</sup>。由训练集直接形成的概率模型维度可能非常大(例如我们研究的一个心脏模型通常达到 10 000 维左右),所以建立 PDM 的过程是非常枯燥又费时费力的。

然而,在一些应用中,单独的一个 PDM 模型甚至有限个 PDM 模型都不足以很好地描述对象随时间的变化情况。因此,需要一种连续的 PDM 模型或者模型插值方法动态生成新模型以满足对象在时间和空间上的变化性质。例如,在心脏建模时,需要有不同时间段模型才能很好地描述心室形状在心跳不同阶段的变化。但是,在构建整个心脏运动周期的连续模型时,只能由已知的模型序列得到特定若干时刻的模型,而其他任意时刻的模型就不得而知了。因此,在这种情况下,研究一种中间模型的插值方法是必要的。尽管基于 PDM 模型的图像分析方法已有十多年,但相应的模型插值相关研究还没有深入开展过。基于此目的,本文尝试研究如何在训练集未知的情况下对两个 PDM 模型进行线性插值计算。

## 1 柔性体的 PDM 模型表示

PDM 是一种先验建模方法,它建立在已知一组目标对象样本(即训练集)的基础上。这个训练集可以提供对象的形状及形变的统计学描述。实际上,形状描述通常是使用物体轮廓来实现的,而轮廓可以由图片上的一组像素坐标值来表示。所以在建模过程中要在轮廓上选取一些标记点来描述目标物体形状,而这些标记点往往与目标物的特征相关

联<sup>[10]</sup>。在选取不同样本上对应标记点时,要遵循“特征位置大致相同”的原则,当然这种定位不一定很精确,总存在一定偏差,但是相对于整个形体的尺度而言,这种偏差是十分微小的。PDM 方法允许我们利用这些个体差异,分析出哪些偏差的确是微小的,哪些相对更大些,以模拟形体的变化。

由于训练集中的形体是从不同的图片集中获得的,而图片集的坐标系并不统一,因此有必要先将所有训练集形体进行坐标归一化配准。配准的过程实际上就是对每一个样本形状寻找适当的相似变换参数,包括平移、缩放和旋转,以使不同样本尽可能的接近;另外,找到的变换参数将会使各个样本与由所有样本的平均模型都尽可能接近。为了表述方便,假设只有两个样本,每个样本形状都由一组标记点坐标向量来表示

$$\mathbf{x} = (x_1, y_1, z_1, \dots, x_n, y_n, z_n)^T \quad (1)$$

式中  $(x_i, y_i, z_i)$  是某个标记点在 3 维图像中的空间坐标。如果是 2 维图像,则标记点用  $(x_i, y_i)$  表示。

图片上的标记点可有多种获取方式,如人工手动标记或采用某种自动标记算法。例如,Izard 等人提出的一种 MRI 图像标记方法,使用统一的算法规则在不同人脑图片中进行组织结构标记<sup>[11]</sup>。得到一组经过标记的训练样本后,我们需要将它们对齐到统一的坐标系下,通常使用广义普克拉提斯配准算法(GPA)将训练样本配准,并使得所有样本形状到平均模型的距离平方和最小,实际上就是寻找变换  $T_i$ (平移、旋转、缩放),使下式最小化

$$D_m = \sum | \mathbf{m} - T_i(\mathbf{x}_i) |^2 \quad (2)$$

式中

$$\mathbf{m} = \frac{1}{n} \sum T_i(\mathbf{x}_i) \quad | \mathbf{m} | = 1 \quad (3)$$

且  $\mathbf{x}_i$  是训练集中的一个形状样本,它是一个  $3n$  维的向量。

配准后的训练集形成了一个 3 维空间的点云,也可以把它看作是一个概率密度函数。为了降低运算时间和空间成本,采用主元分析法(PCA)寻找点云中的主元,并按特征值大小排序后选择最大的若干个特征值对应的特征向量建立特征表示模型。这些被选出的分量可以描述对象主要的形变。以左心室的模型为例,我们经过主元分析后的用 60 个特征向量就能很好地描述心室的形状及其变化了。这样,PDM 模型可以表达为

$$\mathbf{x} = \bar{\mathbf{x}} + p_1 b_1 + \dots + p_l b_l = \bar{\mathbf{x}} + \Phi \mathbf{b} \quad (4)$$

式中,  $\bar{x}$  是配准后的平均形状向量,  $\Phi$  是一个  $3n \times t$  的矩阵,  $\Phi$  的每一列表示主元方向上的单位向量,  $b$  是由形状参数组成的  $t$  维列向量。可见, 经过 PCA 分析后形状的维度已经由  $3n$  下降到了  $t$ 。

经过以上步骤得到了一个类似于点分布模型的统计学模型, 该模型可应用于柔性体的物体建模, 以及在新的图像中定位和分割新个例。在训练集的学习过程中可以得到形状参数  $b$  的变化范围, 只要在该范围内变化, 任意  $b$  的值都可以生成合理的新样本。通常限定  $b_i$  的变化为  $\lambda_i$  或者  $\sqrt{3}\lambda_i$  ( $\lambda_i$  为矩阵  $\Phi$  对应的第  $i$  大特征值)。

从样本集中训练出一个统计学形态模型后, 就可以用 PDM 来解释新的图像个例了。为了将模型与图像匹配, 通常采用一种迭代的方法, 使模型不断地变形来拟合新图像中目标对象的轮廓。模型形状的变化受到一定的约束, 使其只能存在于训练样本集中算出的范围内。令统计模型的局部轮廓根据图像内容不断移动, 同时计算模型轮廓和图像轮廓的马氏距离, 使其最小化就可以得到真实的边界位置。因此, 要在个例中获得目标柔性对象的形状需要反复执行以下两步直到收敛: 1) 沿模型各点的法线寻找图像轮廓上相匹配的对应点 (使得模型点与对应图像点的马氏距离最小); 2) 改变模型位置及形状参数使模型各标记点更接近图像轮廓上找到的对应点。也就是说, 模型的拟合过程实际上就是在图像上搜寻模型点的最相似位置及不断修正整体几何变换  $T$  及形状参数  $b$  的过程。数学上可以表示为

$$f = \|X - T(\bar{x} + Pb)\|^2 \quad (5)$$

式中  $X$  是迭代时当前得到的模型。

这是一个寻找最小值的问题, 可以使用非线性优化的迭代方法求解。最终可以确定整体变换函数  $T$ , 以及个体实例的形状参数

$$b = P^T(T^{-1}(X) - \bar{x}) \quad (6)$$

近几年, 人们已经就 PDM 的柔性体建模方法的许多相关问题进行了深入研究, 如形体配准、自动标记、平均形体生成、形变建模、模态分析、图像分割等问题<sup>[12-13]</sup>。此外, 在该思想广泛地应用于非刚体对象建模的同时, 已经进一步被扩展和应用用于更深入的图像分析方法里, 如活动形状模型 (ASM) 和活动表面建模 (AAM)。目前, 对 PDM 模型最成功的表达是通过 PCA 方法得到的<sup>[14]</sup>, 主要是因为 PCA 方法非常简单易懂<sup>[15]</sup>。把一个形体投影到经过上述训练学习的 PCA 空间 (由线性无关方向形成的正交

空间), 然后从训练样本中提取少量与形变模式相关的参数 (主元成分), 再用这些参数来控制形体的变形<sup>[15]</sup>。显然, 这种形变是沿着样本集所确定的最大形变方向进行的。从数学的角度, 首先从训练集中计算得到平均形状  $\bar{y}$  和协方差矩阵  $S$

$$\bar{y} = \frac{1}{s} \sum_{i=1}^s y_i \quad (7)$$

$$S = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s (y_i - \bar{y})(y_i - \bar{y})^T$$

这样, 一个合理的形状可以被表示为

$$y = \bar{y} + \Phi b \quad (8)$$

式中, 向量  $b$  由对应于各个特征向量的形变参数组成, 矩阵  $\Phi$  则包含一组由协方差矩阵  $S$  分解得到的特征向量, 这组向量可线性组合成任意的新形状  $y$ 。根据 PCA 理论,  $b$  中的每个参数都控制形体在某一方向上的形变, 并且各个方向都彼此独立, 参数按照形变敏感性在对应方向上按由大到小顺序排列。本文考虑一个仅包含平均形状、特征值和特征向量的 PDM 模型, 但不必存在原始训练集数据的情况下进行插值运算, 即模型可表示为

$$M = \langle \bar{y}, \Phi, \lambda \rangle \quad (9)$$

## 2 模型插值问题

由前文所述, 单个 PDM 模型可以由一组柔性物体的个例形体获得 (例如, 一些被观测的医院患者心脏图像)。然而, 有时这些柔性体会随时间出现复杂的变化情况, 这时可以得到一系列形状信息 (例如心脏在整个活动周期内的 3 维变形)。但是, 现有设备条件只能获得若干时刻的 3 维图像, 即对应于某些  $T_i$  时刻的模型  $M_i$ 。

对一个特定的动态形变物体, 假设已经在离散的时间坐标  $(T_1, T_2, \dots)$  上建立了一组 PDM 模型  $(M_1, M_2, \dots)$ , 则可以把问题描述为给定两个已知 PDM 模型,  $T_a$  时刻的模型  $M_a$  和  $T_b$  时刻的模型  $M_b$ , 如何得到在  $t$  ( $T_a \leq t \leq T_b$ ) 时刻的中间模型  $M_t$  的相关参数。两个已知模型意味着我们知道了相应的平均形状  $\bar{y}_a$  和  $\bar{y}_b$ 、特征矩阵  $\Phi_a$  和  $\Phi_b$ , 以及特征值向量  $\lambda_a$  和  $\lambda_b$ 。在问题中需要求解的参数也有对应的平均形状、特征值和特征向量, 即  $M_t = \langle \bar{y}_t, \Phi_t, \lambda_t \rangle$ , 如图 1 所示。这里假设在  $T_a$  到  $T_b$  的时间段中, 一个形体从  $Y_{a1}$  连续变化到  $Y_{b1}$ , 二者都是  $n$  维的, 如  $Y_{a1} = (x_{a11}, x_{a12}, x_{a13}, \dots, x_{a1n})^T$ 。这里定义两个常

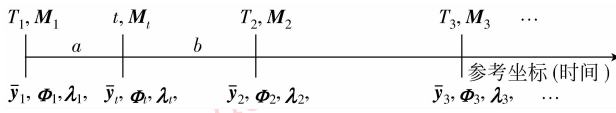


图 1 从时间序列中临近模型插值得到的瞬时 PDM 模型

Fig. 1 An instant PDM model from nearby models

数  $a$  和  $b$  以反映中间模型相对于  $M_a$  和  $M_b$  的距离。

$$a = \frac{t - T_a}{T_b - T_a} \quad (10)$$

$$b = 1 - a \quad (11)$$

### 3 模型插值方法

#### 3.1 模型插值的推导

1) 中间模型的平均形状 本文主要讨论 PDM 的线性插值方法,因为线性插值可满足大多数领域应用的要求。根据以上的定义和假设,  $Y_{ai}$  和  $Y_{bi}$  之间的中间模型形状为

$$y_{ti} = ay_{ai} + by_{bi} \quad (12)$$

$a$  和  $b$  由式(10)(11)定义,即  $a + b = 1$ 。

插入模型的平均形状为

$$\bar{y}_t = \frac{1}{s} \sum_{i=1}^s y_{ti} = a\bar{y}_a + b\bar{y}_b \quad (13)$$

所以,得到以下结论。

**定理 1** 线性插值时,插入的 PDM 中间模型平均形状是邻近模型平均形状的线性组合,其参数由式(13)确定。

2) 中间模型的形变 相似的,中间 PDM 模型的形成可以这样算出

$$\Delta_{y_{ti}} = y_{ti} - \bar{y}_t = (ay_{ai} + by_{bi}) - (a\bar{y}_a + b\bar{y}_b) = a\Delta_{y_{ai}} + b\Delta_{y_{bi}} \quad (14)$$

从上式可以得到以下结论。

**定理 2** 线性插值时,插入的 PDM 中间模型形状变化速度是相邻模型形变速度的线性组合,其参数由式(14)确定。

3) 中间模型的协方差矩阵 中间模型的协方差矩阵可以由下式推导得出

$$\begin{aligned} S_t &= \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s (y_{ti} - \bar{y}_t)(y_{ti} - \bar{y}_t)^T = \\ &= \frac{a^2}{s-1} \sum_{i=1}^s \Delta_{y_{ai}} \Delta_{y_{ai}}^T + \frac{b^2}{s-1} \sum_{i=1}^s \Delta_{y_{bi}} \Delta_{y_{bi}}^T + \\ &= \frac{ab}{s-1} \sum_{i=1}^s \Delta_{y_{ai}} \Delta_{y_{bi}}^T + \frac{ab}{s-1} \sum_{i=1}^s \Delta_{y_{bi}} \Delta_{y_{ai}}^T \end{aligned} \quad (15)$$

令

$$S_{ab} = \frac{ab}{s-1} \sum_{i=1}^s \Delta_{y_{ai}} \Delta_{y_{bi}}^T \quad (16)$$

显然

$$S_{ab} = S_{ba}^T \quad (17)$$

这样,可以得到如下推论。

**推论 1** 线性插值时,中间模型的协方差矩阵可由以下表达式得到

$$S_t = a^2 S_a + b^2 S_b + ab S_{ab} + ab S_{ab}^T \quad (18)$$

式中  $S_{ab}$  表示模型  $M_a$  和  $M_b$  的交变矩阵。协方差矩阵是通过在同一时间段内不同个体的采样数据进行统计分析得出的,而交变矩阵则描述了在不同采样时间得到的两个对象模型的形变过程。

#### 3.2 中间模型的估算

1) 交变矩阵 为方便讨论,假设  $n$  维的 PDM 模型形变表示为

$$\Delta_{y_{ai}} = [d_{a1i} \quad d_{a2i} \quad \cdots \quad d_{ani}]^T \quad (19)$$

则,交变矩阵可定义为

$$S_{ab} = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s \Delta_{y_{ai}} \Delta_{y_{bi}}^T = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s \begin{bmatrix} d_{a1i} d_{b1i} & d_{a1i} d_{b2i} & \cdots & d_{a1i} d_{bni} \\ d_{a2i} d_{b1i} & d_{a2i} d_{b2i} & \cdots & d_{a2i} d_{bni} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ d_{ani} d_{b1i} & d_{ani} d_{b2i} & \cdots & d_{ani} d_{bni} \end{bmatrix} \quad (20)$$

通常情况下,样本是正态或平均分布的,交变矩阵中的各元素趋于零,即

$$S_{ab}(m, n) = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s d_{ami} d_{ani} \rightarrow 0 \quad i \rightarrow +\infty \quad (21)$$

所以,交变矩阵对角线元素远小于矩阵  $S_a$  和  $S_b$  中的对应元素,即

$$\begin{cases} S_{ab}(k, k) \ll S_a(k, k) \\ S_{ab}(k, k) \ll S_b(k, k) \end{cases} \quad 1 \leq k \leq n \quad (22)$$

2) 特征值的估算 可以看出,交变矩阵  $S_{ab}$  和  $S_{ba}$  对于中间模型特征值的计算影响非常小,因此根据矩阵性质可以近似得到

$$\lambda_t \approx a^2 \lambda_a + b^2 \lambda_b \quad (23)$$

式中  $\lambda_a$  和  $\lambda_b$  分别为前后两个相邻 PDM 模型的特征值向量,即

$$\lambda_a = (\lambda_{a1}, \lambda_{a2}, \lambda_{a3}, \cdots) \quad (24)$$

$$\lambda_b = (\lambda_{b1}, \lambda_{b2}, \lambda_{b3}, \cdots) \quad (25)$$

$\lambda_t$  中元素估计的精度主要取决于样本集的数量和分布情况。经过计算机仿真发现,当训练集包含 30 个随机均匀分布样本时,误差率可维持在 5%

以下。

3) 特征向量 当样本集很大时,中间插入模型的协方差矩阵可以近似为

$$S_i \approx a^2 S_a + b^2 S_b \quad (26)$$

而且协方差矩阵  $S_a$  和  $S_b$  可以由特征矩阵  $\Phi_a$  和  $\Phi_b$  近似得到,而  $\Phi_a$  和  $\Phi_b$  是插值之前点分布模型中已知的。由于 PDM 模型创建时对训练集数据进行了 PCA 分析,并选取  $t$  种形变模式来描述整个对象的形变,而  $\Phi$  是协方差矩阵中最前面的  $t$  个特征向量,有

$$S_a \approx \Phi_a \Lambda_a \Phi_a^T \quad (27)$$

$$S_b \approx \Phi_b \Lambda_b \Phi_b^T \quad (28)$$

式中  $\Lambda_a$  和  $\Lambda_b$  是由特征值向量  $\lambda_a$  和  $\lambda_b$  形成的对角矩阵。可以用奇异值分解(SVD)的方法从式(26)得到中间模型的特征向量

$$U_i \Lambda_i U_i^T = svd(a^2 \Phi_a \Lambda_a \Phi_a^T + b^2 \Phi_b \Lambda_b \Phi_b^T) \quad (29)$$

现在,已由两个邻近的已知 PDM 模型确定了正交矩阵  $U_i$ ,且  $U_i$  的前  $t$  行就是特征矩阵  $\Phi_i$ 。

4) 特征向量的精确计算方法 通过上面的公式,可以由两个已知 PDM 模型计算得到插入模型的各个参数(如平均形状、特征值、特征向量等)。然而,计算过程中由于忽略了交变矩阵的作用,因此这种方法存在一定的误差,尤其是当样本集容量很小或其分布比较异常时,这种误差就更明显。事实上,有一种更精确的方法,就是直接从训练集中把所有两个相邻 PDM 模型生成一个对应的交变矩阵。根据式(18),矩阵  $S_i$  可由  $S_a$ 、 $S_b$  和  $S_{ab}$  计算得到,而矩阵  $S_{ab}$  需要在构建  $M_a$  和  $M_b$  时就得到。实现时,可以使用下式

$$S_{ab} = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s (y_{ai} - \bar{y}_a) (y_{bi} - \bar{y}_b)^T = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s \Phi_a b_{ai} b_{bi}^T \Phi_b^T \quad (30)$$

用奇异值分解法,令

$$S_{ab} = \Phi_{ab} \Lambda_{ab} \Phi_{ba}^T \quad (31)$$

通常  $\Phi_{ab} \neq \Phi_{ba}$ ,这是因为矩阵  $S_{ab}$  并不是一个对称矩阵。 $\Phi_{ab}$  和  $\Phi_{ba}$  都包含  $t$  个矢量。

在插值计算时,由于 PDM 模型只保留了特征值和特征向量的信息,中间模型的协方差矩阵应通过下式计算

$$S_i = a^2 \Phi_a \Lambda_a \Phi_a^T + b^2 \Phi_b \Lambda_b \Phi_b^T + ab \Phi_{ab} \Lambda_{ab} \Phi_{ba}^T + ab \Phi_{ba} \Lambda_{ab} \Phi_{ab}^T \quad (32)$$

相似的,中间模型的特征向量可以由式(29)得

到。这种方法由于不受训练样本分布的影响,因此是一种更加准确的解决方案。

5) 协方差矩阵的计算

**定理3** 如果  $u_i$  是矩阵  $G = L \Phi_a$  中主要特征值  $\lambda_i$  对应的特征向量,则  $\Phi_a u_i$  和  $\lambda_i$  分别为矩阵  $S = \Phi_a L$  的特征向量和特征值。

当直接由式(29)计算特征向量时,会发现由于矩阵通常很大,计算过程对存储空间和运算效率都有很高的要求。例如,实验中有一个3维心脏模型,包含2800多个标记点,通过主元分析后选择了90种形变模型,那么该模型的一个协方差矩阵要占约600MB的内存空间,连简单的加减操作可能也要花费数分钟时间。因此,为了降低计算复杂度,可设  $L = a^2 \Lambda_a \Phi_a^T + b^2 \Phi_a^T \Phi_b \Lambda_b \Phi_b^T$  是一个  $r \times N$  维的矩阵( $r$  是主元数目, $N$  是样本维数),然后利用定理3可得

$$U_i \Lambda_i U_i^T = \Phi_a L$$

综上所述,PDM 插值算法总结为以下步骤:

1) 读入两个相邻的 PDM 模型

$$M_a = \langle \bar{y}_a, \Phi_a, \lambda_a \rangle$$

$$M_b = \langle \bar{y}_b, \Phi_b, \lambda_b \rangle$$

2) 根据式(10)(11)确定中间模型到两个已知 PDM 模型的距离,用系数  $a$  和  $b$  表示;

3) 根据式(13)确定中间模型的平均形状;

4) 由特征值  $\lambda_a$  和  $\lambda_b$  构造对角矩阵  $\Lambda_a$  和  $\Lambda_b$ ;

5) 由式(27)(28)估计协方差矩阵  $S_a$  和  $S_b$ ;

6) 根据式(23)估算插入模型的特征值;

7) 由定理3确定中间模型的特征值向量。

## 4 实验与结果

本文提出的柔性体点分布模型插值算法,作者在研究过程中分别采用了计算机仿真及真实医学数据进行了一定的实验。在仿真中,可以假设一组9维(或更高)的模型  $y_i = [x_{1i}, x_{2i}, \dots, x_{9i}]^T$ 。两个 PDM 模型  $M_1$  和  $M_2$  的数据集都是随机产生的。各组训练集数据都含有100个样本,这时 PDM 平均形状和协方差矩阵可由如下算式得到

$$\bar{y}_1 = \frac{1}{100} \sum_{i=1}^{100} y_{1i}$$

$$S_1 = \frac{1}{99} \sum_{i=1}^{100} (y_{1i} - \bar{y}_1) (y_{1i} - \bar{y}_1)^T$$

为生成一个插入模型,相应的特征值及特征向

量由前文所述的 SVD 和 PCA 分析得到,即从  $S_1$  计算  $M_1$  的特征值及特征向量,对  $S_2$  也同样。假设插入模型的左右距离为  $a=0.3, b=0.7$ 。为了进行对比,还计算了它们的交变矩阵  $S_{ab}$  和相应的特征值向量。实验结果显示,本文中所述的方法能很好地计算出插入模型的各种参数。由式(29)计算出的特征值误差小于 1.83%,由定理 3 计算出的特征值误差小于 0.05%。该仿真实验使用 C++ 程序在实验室开发实现。

在应用于一个关于心脏图像分析的研究项目时,根据心动周期定义一个规范化的时间坐标轴。例如,一个心跳周期可以分为 6 个生理阶段:心房收缩、心室收缩、心室射血、心室舒张、心室快速填充及舒张后期休息<sup>[16]</sup>(图 2)。左心室与右心室的运动规律相似但不完全相同。主要的差别是,左心室与动脉的收缩压比右心室的大 3~4 倍,而且左右心室泵血过程的时间方面也有显著区别<sup>[16-18]</sup>。由于整个心脏的空间形态在一个心动周期内变化很大,而单一的模型很难准确描述动态的心脏运动过程,所以需要建立一组模型来描述心动不同阶段的心脏形态。

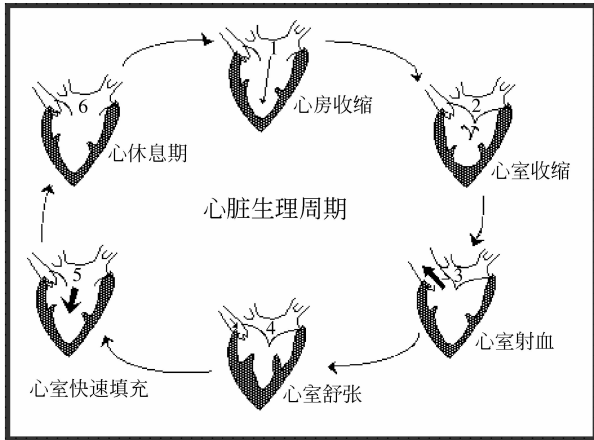


图 2 一个典型的心动周期分为 6 个阶段  
Fig.2 The cardiac cycle is typically divided into six phases

在研究门电路心肌灌注断层显像技术得到的心脏图像时,可参考心电图信号进行时间规范化<sup>[14]</sup>。我们希望通过统计心脏形状可以得到全部的 6 个模型,并且这些模型能用来准确地描述心脏的特定状态,如在心脏舒张末期和心脏收缩末期时的状态。如图 3 所示,在标准心电图曲线中标出了各个阶段模型出现的位置。这里已经把心压幅度经过了校正,使得波峰处的压力值为正常人体的收缩压(120 mm 汞柱),所以图 3 可代表一条典型的左心

室压力曲线。

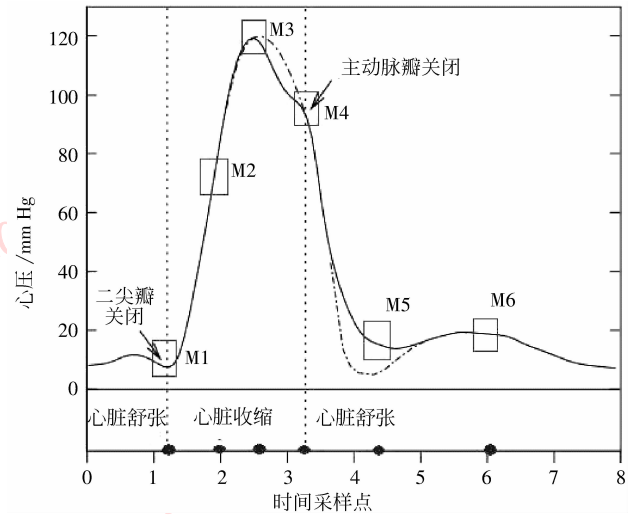


图 3 心脏不同阶段的 6 个 PDM 模型  
Fig.3 The six PDMs represents different states of the heart

如果在正常的心动周期中有 6 个 PDM 模型,则第 2 节中所述的  $T_i$  (代表某一相位所在的时刻)可以定义为

$$T_i/ms = \frac{1000 [5(t/H_c - \lfloor t/H_c \rfloor)]}{72H_c} \quad (33)$$

式中  $t$  是获得 gated-SPECT 图像的时间,  $H_c$  是心率的倒数,  $\lfloor x \rfloor$  表示不大于  $x$  的最大整数。

然而,在实际的例子中,常会产生不同数目的相位图像(如图 4 中有 8 个),这是由于心脏图像的采样通常有固定的频率,如图 4 中是每 100 ms 采样一

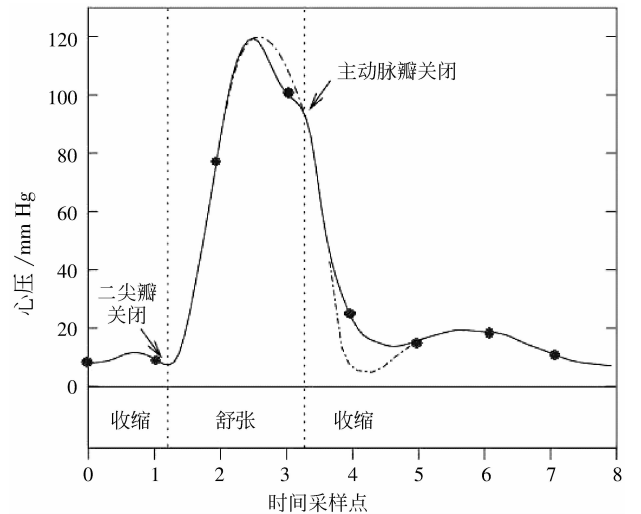


图 4 某病例的 8 个时间采样点图像(间隔为 100 ms)  
Fig.4 The eight sampling points of a case on the time reference (with the interval of 100 ms)

次。这时有必要通过插值得到采样时刻的 PDM 模型,以进行更好的 3 维心脏形状分割。

论文研究中用到的真实心脏数据由浙江杭州邵逸夫医院和西班牙巴塞罗那医院提供。研究时,先建立了左心室不同时刻的 5 个 PDM 模型。每个模型由 246 组病例的真实图像进行训练得到,结果包括一个平均形状的 VTK 表达,一组特征值矢量和特

征向量。图 5 的(a)(c)是其中两个 PDM 模型的平均形状,(b)是经过插值得到的新模型的平均形状。所有医学图像的处理过程和模型的插入运算也都用 C++ 程序实现。实验时,在每两个相邻的 PDM 之间均匀地插入 4 个中间模型,得到的实验结果比较满意,通过插值生成的 PDM 模型可随时间平滑变化,这样可以得到任意时刻的左心室柔性模型。

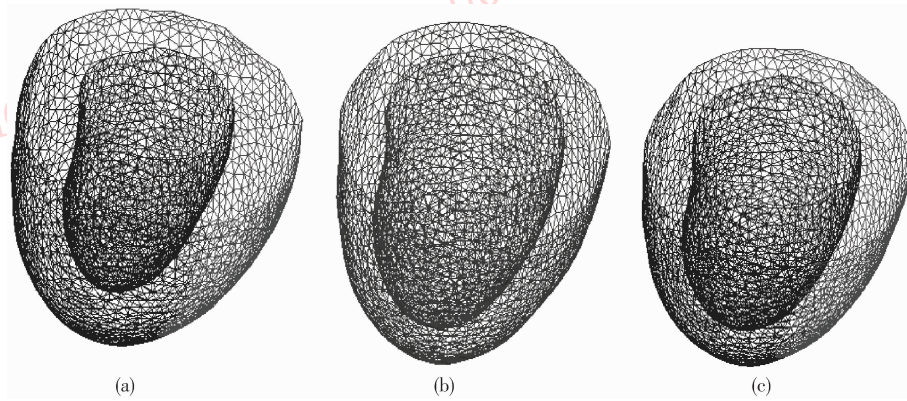


图 5 心脏左室内外壁的模型插值

Fig. 5 A middle model from two ventricular PDMs

## 5 结 论

点分布模型作为一种描述柔性对象的统计学模型,已被证明在许多应用上是非常有效的,尤其是在医学图像分析领域。为了进一步分析柔性体的动态时变情况,研究了点分布模型的插值算法。插入模型的平均形状及形变就是它邻近模型对应项的线性组合,其特征值则可以采用矩阵特点估算得到。为了求出插入模型的协方差矩阵和特征向量,提出一种交变矩阵的形式并给出了相应的计算方法。研究结果表明,可由 PDM 的平均形状、特征值和特征向量等参数生成任意时刻的中间模型。还分别采用计算机仿真和真实心脏数据进行了实验验证,取得了较满意的结果。

## 参考文献 (References)

- [ 1 ] Wang Minqin, Han Guoqiang, Tu Yongqiu. Survey of medical image segmentation based on deformable models [J]. Chinese Medical Equipment Journal, 2009, 30(2):37-39. [王敏琴, 韩国强, 涂泳秋. 基于形变模型的医学图像分割综述[J]. 医疗卫生装备, 2009, 30(2):37-39.]
- [ 2 ] Munsell B C, Dalal P, Wang S. Evaluating shape

correspondence for statistical shape analysis: a benchmark study [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2008, 30(11):2023-2039.

- [ 3 ] Gong Yongyi Luo Xiaonan Jia Weijia, et al. Medical image registration based on modified spring-mass model [J]. Chinese Journal of Computers, 2008(7):1224-1233. [龚永义, 罗笑南, 贾维嘉, 等. 基于改进的弹簧质子模型的医学图像配准[J]. 计算机学报, 2008(7):1224-1233.]
- [ 4 ] Jian Jiangtao Feng Huanqing, Xiong Jin. Brain MR image segmentation with PDM constrained active contour model [J]. Chinese Journal of Biomedical Engineering, 2006, 25(5):513-517. [简江涛, 冯焕清, 熊进. 点分布模型约束的主动轮廓及其在脑 MR 图像分割中的应用[J]. 中国生物医学工程学报, 2006, 25(5):513-517.]
- [ 5 ] Chen Shengyong, Guan Qiu. Heart modeling and parametric analysis from four-dimensional images[J]. Journal of Image and Graphics, 2011, 16(6). [陈胜勇, 管秋. 人体心脏的四维图像建模和参数分析[J]. 中国图象图形学报, 2011, 16(6).]
- [ 6 ] Duan Chaijie, Ma Jingfeng, Zhang Yibao, et al. Energy conduction model and its application in medical image segmentation [J]. Journal of Software, 2009(5):1106-1115. [段济杰, 马竞锋, 张艺宝, 等. 能量传导模型及在医学图像分割中的应用[J]. 软件学报, 2009(5):1106-1115.]
- [ 7 ] Cootes T F, Taylor C J. Combining point distribution models with shape models based on finite element analysis [J]. Image Vision Computing, 1995, 13(5):403-409.
- [ 8 ] Zheng Guoyan, Dong Xiao, Rajamani K T, et al. Accurate and

- Robust reconstruction of a surface model of the proximal femur from sparse-point data and a dense-point distribution model for surgical navigation [J]. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 2007, 54(12):2109-2122.
- [9] Koikkalainen J, Tolli T, Lauerma K, et al. Methods of artificial enlargement of the training set for statistical shape models [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2008, 27(11):1643-1654.
- [10] Nair P, Cavallaro A. 3-D face detection, landmark localization, and registration using a point distribution model [J]. *IEEE Transactions on Multimedia*, 2009, 11(4):611-623.
- [11] Izard C, Jedynak B, Stark C. Automatic landmarking of magnetic resonance brain images [C]// *Proc. of the SPIE International Symposium on Medical Imaging*. San Diego, California, USA: SPIE, 2005.
- [12] Jiang Xiaoyue, Zhao Rongchun. Image Segmentation with an improved active contour [J]. *Journal of Image and Graphics*, 2004,9(9):1019-1024. [蒋晓悦,赵荣椿.一种改进的活动轮廓图像分割技术[J].中国图象图形学报,2004,9(9):1019-1024.]
- [13] Gilliam A D, Epstein F H, Acton S T. Cardiac motion recovery via active trajectory field models [J]. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 2009, 13(2):226-235.
- [14] Tobon-Gomez C, Butakoff C, Aguade S, et al. Automatic construction of 3D-ASM intensity models by simulating image acquisition:application to myocardial gated SPECT studies [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2008, 27(11):1655-1667.
- [15] Hua Jizhao Wang Jianguo Yang Jingyu. A novel approach to edge detection based on PCA [J]. *Journal of Image and Graphics*, 2009,14(5):912-919. [华继钊,王建国,杨静宇.基于PCA的边缘检测方法[J].中国图象图形学报,2009,14(5):912-919.]
- [16] Penney D G. The cardiac toxicology of carbon monoxide [C]// *Principles of Cardiac Toxicology*. Boca Rata, USA: CRC Press, 1991:573-605.
- [17] Chen Qiang, Zhou Zeming, Wang Ping'an, et al. Automatic segmentation of tagged left ventricle MR images [J]. *Journal of Image and Graphics*, 2004,9(6):666-673. [陈强,周则明,王平安,等.带标记线左心室MR图像的自动分割[J].中国图象图形学报,2004,9(6):666-673.]
- [18] Liu Guocai Wang Yaonan. Hierarchical Mumford-Shah model for vector-valued image segmentation, denoising and reconstruction [J]. *Acta Automatica Sinica*, 2007, 33(6):602-607. [刘国才,王耀南.多层Mumford-Shah向量值图像分割、去噪与重建模型[J].自动化学报,2007,33(6):602-607.]