

DOI: 10.3785/j.issn.1008-973X.2021.12.018

基于点分布模型的 3D 模型拟合方法

徐铸业¹, 赵小强^{1,2,3}, 蒋红梅^{1,2,3}

(1. 兰州理工大学 电气工程与信息工程学院, 甘肃 兰州 730050; 2. 兰州理工大学 甘肃省工业过程先进控制重点实验室, 甘肃 兰州 730050; 3. 兰州理工大学 国家级电气与控制工程实验教学中心, 甘肃 兰州 730050)

摘要: 针对传统方法构建的患者病患部位的 3D 解剖结构模型与测试样本拟合效果较差的问题, 提出基于点分布模型的 3D 模型拟合方法 (3DMFB-PDM)。对训练样本集进行数据处理, 使模板样本与目标样本对齐, 减小训练样本由于旋转及尺度变化产生的不利影响; 在训练样本间建立对应关系, 用正态分布表示患者的点分布模型; 计算测试样本中的特征点与点分布模型中对应点间的距离, 通过引入 Mahalanobis 距离和转换非线性方程组, 使点间距最小。根据最小间距不断调整点分布模型的形状参数, 使点分布模型与测试样本拟合。选取 30 组左侧股骨作为训练样本集实验验证 3DMFB-PDM 的有效性, 结果表明引入附加项后的拟合误差小于未引入附加项的拟合误差。将 3DMFB-PDM 与其他 3 种方法进行对比, 结果显示 3DMFB-PDM 的拟合误差最小, 表明 3DMFB-PDM 能够有效地将患者病患部位的 3D 解剖结构模型与测试样本拟合。

关键词: 医学图像处理; 3D 建模; 形状分析; 点分布模型; Mahalanobis 距离

中图分类号: TP 391.41 **文献标志码:** A **文章编号:** 1008-973X(2021)12-2373-09

3D model fitting method based on point distribution model

XU Zhu-ye¹, ZHAO Xiao-qiang^{1,2,3}, JIANG Hong-mei^{1,2,3}

(1. College of Electrical and Information Engineering, Lanzhou University of Technology, Lanzhou 730050, China; 2. Key Laboratory of Gansu Advanced Control for Industrial Process, Lanzhou University of Technology, Lanzhou 730050, China; 3. National Experimental Teaching Center of Electrical and Control Engineering, Lanzhou University of Technology, Lanzhou 730050, China)

Abstract: A 3D model fitting method based on point distribution model (3DMFB-PDM) was proposed, aiming at the problem of poor fitting between the 3D anatomical structure model of the patient's part constructed by the traditional method and the test samples. Firstly, the data processing was performed on the training sample set to align the template sample with the target sample, and the adverse effects of training sample due to rotation and scale changes were alleviated. Then the correspondence among training samples was established, and the patient's point distribution model with a normal distribution was represented. Finally, the distance between the feature point and the corresponding point in the point distribution model was calculated. By introducing the Mahalanobis distance and converting the nonlinear equations were to minimize the distance. Meanwhile, the shape parameters of the point distribution model were continuously adjusted according to the minimum distance, thus the point distribution model was fitted to the test samples. 30 groups of left femurs were selected as the training sample set for experimental verification to verify the effectiveness of 3DMFB-PDM. Results show that the fitting error after introducing additional terms is smaller than the fitting error without introducing additional terms. Comparing 3DMFB-PDM with the other three methods shows that the fitting error of 3DMFB-PDM is the smallest, which indicate that 3DMFB-PDM can effectively fit the 3D anatomical structure model of the patient's part to the test samples.

Key words: medical image processing; 3D modeling; shape analysis; point distribution model; Mahalanobis distance

收稿日期: 2021-01-05. 网址: www.zjujournals.com/eng/article/2021/1008-973X/202112018.shtml

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (61763029, 61873116); 国防基础科研项目 (JCKY2018427C002).

作者简介: 徐铸业 (1992—), 男, 博士生, 从事医学图像处理的研究. orcid.org/0000-0002-8680-2519. E-mail: 1820481286@qq.com
通信联系人: 赵小强, 男, 教授, 博导. orcid.org/0000-0001-5687-942X. E-mail: xqzhao@lut.cn

患者病患部位的 3D 解剖结构模型^[1]在计算机辅助诊断的定量和定性分析^[2]、识别膝关节生物力学特征^[3]、虚拟重建面部缺损^[4]、手术规划和对齐术中导航^[5-7]等诸多医学图像处理领域都有着广泛的应用。在医学图像的处理过程中,患者病患部位的 3D 解剖结构模型可以帮助医生更好地将相关信息转变成可视化数据^[8],以便对患者的病情做出快速、准确的判断,降低误诊的风险,有效制订后续的治疗计划。获取患者病患部位的 3D 解剖结构模型的常见方法是使用成像技术,例如计算机断层扫描技术^[9](computed tomography, CT)和核磁共振图像技术^[10](magnetic resonance imaging, MRI)。然而,在一些偏远地区和资源有限的地区,医院通常无法使用这些技术获得患者病患部位的 3D 解剖结构模型^[11]。因此,用非成像技术构建患者病患部位的 3D 解剖结构模型成为研究热点。

在建立可变模型的过程中,统计形状模型^[12]能够对解剖结构的几何变形进行参数化表示,有效地构建出可变模型。越来越多的学者通过统计形状模型构建患者病患部位的 3D 解剖结构模型。Davies^[13]提出在统计形状模型的构建阶段手动标记特征点,在模板样本与目标样本间粗略地建立对应关系,这样不仅耗时长还容易造成操作错误,导致构建的 3D 模型性能较差。Kelemen 等^[14]提出球谐函数描述法(spherical harmonics descriptors method, SPHARM)并用该方法构建出患者病患部位的 3D 解剖结构模型,但是构建模型的训练样本只适用于球体。Eck 等^[15]采用基于球谐函数的 3D 强度模型分析异染色质焦点的形状和强度,将统计模型与图像强度模型拟合确定最终的模型参数。与此同时, Davies 等^[16]提出最小描述长度法(minimum description length, MDL),通过 Euclidean 距离计算 3D 模型与测试样本间的距离完成二者的拟合。但是在构建模型的过程中需要对每个训练样本手动标记特征点,操作过程复杂且拟合效果较差,不能满足临床应用需求。Perez 等^[17]提出标记点滑动法(landmark sliding method, SLIDE),在 MDL 手动标记特征点的基础上,将初始特征点沿切线方向移动。但 SLIDE 需要不断计算每个特征点的切线方向,计算过程复杂并且仅适用在特征点数量较少的图像的情况下。

以上方法忽略了如何对解剖结构模型进行有效的评估。Plessers 等^[18]提出通过肩胛骨的统计形

状模型实现肩胛骨的重构。该方法能够有效构建出肩胛骨的统计形状模型,但是肩胛骨的统计形状模型与测试肩胛骨的拟合误差相对较大,并且计算关节盂的倾斜度和倾斜角的过程比较复杂。Nolte 等^[19]采用 40 组女性股骨的 CT 扫描图像构建统计形状模型。该方法在构建模型的过程中需要根据三角形表面创建四面体网格,采用 1.5 的粗化因子将每个股骨用 105 064 个四面体重新表示。该过程烦琐且耗时,不能满足临床应用需求。

针对传统建模方法不能有效构建拟合误差较小的 3D 模型,本研究提出基于点分布模型(point distribution model, PDM)的 3D 模型拟合方法(3D model fitting method based on PDM, 3DMFB-PDM)。通过引入附加项和转换非线性方程组,使点分布模型与测试样本具有最小的拟合误差。

1 相关知识

1.1 相关概念

训练样本集是指感兴趣区域的 3D 模型集合。本研究将感兴趣区域从原始的 2D CT 扫描图像中分割出来,再将每个 2D 的感兴趣区域图像用 3D 模型表示,所有感兴趣区域的 3D 模型集合构成训练样本集。模板样本是指从训练样本集中任意选择的单个 3D 模型。测试样本是指根据患者病患部位的几何数据形成的 3D 点云模型。这些几何数据可以有效表征患者病患部位的 3D 形态,通过 3D 位置传感器将患者病患部位的几何数据形成 2D 图像,再对 2D 图像进行数据处理,将 2D 图像以 3D 点云形式表示。获取测试样本实际上就是获取患者病患部位的几何数据,使用跟踪探针来数字化在手术过程中暴露的病患部位和解剖标志区域。在这个过程中,通常将单个 3D 位置传感装置连接到跟踪探头上,并通过跟踪探头捕捉的几何数据形成患者病患部位的图像,这些几何数据定义了每个图像相对于患者所在坐标系的 3D 位置和方向。点分布模型是指训练样本集中的 3D 模型经过对齐、建立对应关系、主成分分析等过程后最终生成的 3D 模型,即 3D 点云模型。

1.2 点分布模型

作为统计形状模型,点分布模型是基于对应点位置的变形模型。模型的基本思想是从训练样本中提取关键点,用其坐标构成的特征向量描述目标样本,通过训练样本获得目标样本的统计信息。

假设 $\Omega = [S_1, S_2, \dots, S_N]$, N 为训练样本的个数, $P_i = [x_i, y_i, z_i]$, $i = 1, 2, \dots, n$. 这 N 个训练样本是拓扑同胚的, P_i 为训练样本的三角形网格顶点, n 为三角形网格顶点的个数, 训练样本的点分布模型 S_P 可以由 $3n$ 个元素表示为

$$S_P = [x_1, y_1, z_1, \dots, x_n, y_n, z_n]^T. \quad (1)$$

用正态分布 θ 表示训练样本的形状变化:

$$S_P \sim \theta(\bar{S}, C). \quad (2)$$

式中: \bar{S} 为训练样本的平均形状, C 为协方差矩阵.

$$\bar{S} = N^{-1} \sum_{i=1}^N S_i, \quad (3)$$

$$C = (N-1)^{-1} \sum_{i=1}^N (S_i - \bar{S})(S_i - \bar{S})^T. \quad (4)$$

通过统计的方法生成 S_P 的一般表达式, 将其表示为平均形状与主要变形模型之和:

$$S_P = \bar{S} + \sum_{i=1}^M \lambda_i p_i. \quad (5)$$

式中: M 为主要变形模型的个数, p_i 为第 i 个特征向量, λ_i 为 p_i 所对应的权重. S_P 的形状受 λ_i 的影响, 因此将 λ_i 作为点分布模型的形状参数. 特征向量按降序排列, 特征值满足:

$$\lambda_i > \lambda_{i+1}. \quad (6)$$

当 λ_i 快速下降时, 点分布模型可以由前 G 个变形模型精确近似为

$$S_P = \bar{S} + \sum_{i=1}^G \lambda_i p_i, \quad (7)$$

$$100\% \sum_{i=1}^G \lambda_i / \sum_{i=1}^M \lambda_i \geq P. \quad (8)$$

式中: P 为用前 G 个变形模型表示整个变形模型的占比.

1.3 存在的问题

在完成训练样本的点分布模型构建之后, 须拟合点分布模型与测试样本, 即在点分布模型中寻找与测试样本中特征点对应的点, 并优化两者间的距离, 使点分布模型逐渐适应患者的解剖结构. 在拟合过程中, 先将点分布模型进行旋转和平移, 使点分布模型与测试样本对齐; 再用 Euclidean 距离计算测试样本特征点与点分布模型对应点间的距离, 使间距最小.

假设点分布模型通过旋转变换 R 和平移变换 T 后与测试样本对齐, 将对齐后的点分布模型记为 S'_P , 计算公式为

$$S'_P = R(\bar{S} + \sum_{i=1}^M \lambda_i p_i) + T. \quad (9)$$

在点分布模型和测试样本拟合时, 须对齐点分布模型和测试样本, 以减小二者在形状和位置上的差异. 采用普氏分析 (procrustes analysis, PA)^[20] 进行对齐操作, 其中 R 、 T 分别为 PA 中的旋转和尺度参数. 对齐过程实际上是 2 个模型的归一化过程, 通过归一化处理使点分布模型尽可能地接近测试样本.

用目标函数 f_1 表示测试样本与点分布模型之间的 Euclidean 距离:

$$f_1 = \sum_{i=1}^D \sum_{j=1}^K \|d_i - m(j)\|^2; \quad (10)$$

$i = 1, 2, \dots, D; j = 1, 2, \dots, K.$

式中: d_i 为测试样本上的第 i 个点; D 为测试样本中的特征点的个数; $m(j)$ 为点分布模型上与 d_i 一一对应的点; K 为点分布模型上与 d_i 对应的点的个数, 满足 $D = K$. $m(j)$ 是 S'_P 上的点, 满足:

$$m(j) = R(\bar{S}(j) + \sum_{i=1}^M \lambda_i p_i(j)) + T. \quad (11)$$

式中: $\bar{S}(j)$ 为平均形状 \bar{S} 上的第 j 个点, $p_i(j)$ 为第 i 个特征向量所对应的点, j 为点分布模型上的特征点. 将式 (11) 带入式 (10), 得到目标函数 f_1 的一般表示式为

$$f_1 = \sum_{i=1}^D \sum_{j=1}^K \left\| d_i - \left(R(\bar{S}(j) + \sum_{i=1}^M \lambda_i p_i(j)) + T \right) \right\|^2. \quad (12)$$

最小化 f_1 能够直接计算出 d_i 和 $m(j)$ 的距离, 但是在点分布模型与测试样本拟合的过程中, f_1 计算出的距离并不是最短, 原因如下. 1) f_1 认为 d_i 和 $m(j)$ 是 2 个不相关的点集, 二者不服从任何分布. 但是在拟合的过程中, $m(j)$ 服从正态分布^[21], 并且协方差 C 分解后产生的模型 S_P 与患者的身高、体重、性别等信息有关. 2) f_1 认为 $m(j)$ 的形状固定, 是没有变形的模型. 实际上, $m(j)$ 是由平均形状和变形模型构成的, 而且这些变形模型是相关的, 因此变形模型通常可以由前几个主要模型表示.

2 3DMFB-PDM

为了解决 S_P 与测试样本拟合的过程中 f_1 忽略的问题, 实现点分布模型与测试样本的最佳拟合, 提出在计算 d_i 与 $m(j)$ 间的距离时, 引入 Ma-

halanobis 距离 D_m 作为附加项, 并将非线性的目标函数线性化, 然后对线性目标函数求解, 实现 d_i 与 $m(j)$ 之间的距离最短. Mahalanobis 距离表示点与单个分布间的距离, 它能够有效地衡量二者的相似程度, 并且考虑变形模型间的相关性. 令 P_{x_j} 、 P_{y_j} 、 P_{z_j} 分别为点分布模型上的点 j 在 x 、 y 、 z 方向上的基向量, 这 3 个基向量的 Mahalanobis 距离可以表示为

$$D_m(P_k) = P_k^T \Lambda^{-1} P_k, k \in \{x_j, y_j, z_j\}. \quad (13)$$

式中, Λ 为协方差矩阵 C 的特征值所构成的对角矩阵.

令目标函数 $f_2 = D_m(P_k)$, 则有:

$$f_2 = \sum_{i=1}^M \frac{\lambda_i^2}{u_i}. \quad (14)$$

式中: λ_i 为式 (5) 中的形状参数, u_i 为 Λ 中对角线上的元素, 设目标函数 f 为

$$f = \mu f_1 + (1 - \mu) f_2. \quad (15)$$

$$A = \begin{pmatrix} p_1(j)p_1(j) + \frac{1-\mu}{\mu} \frac{1}{u_1} & \cdots & p_{M-1}(j)p_1(j) & p_M(j)p_1(j) \\ p_1(j)p_{M-1}(j) & \cdots & p_{M-1}(j)p_{M-1}(j) + \frac{1-\mu}{\mu} \frac{1}{u_{M-1}} & p_M(j)p_{M-1}(j) \\ p_1(j)p_{PM}(j) & \cdots & p_{M-1}(j)p_M(j) & p_M(j)p_M(j) + \frac{1-\mu}{\mu} \frac{1}{u_M} \end{pmatrix}_{3 \times M}, \quad (19)$$

$$B = \sum_{i=1}^D \begin{bmatrix} (d_i - \bar{S}(j))p_1(j) \\ (d_i - \bar{S}(j))p_{M-1}(j) \\ (d_i - \bar{S}(j))p_M(j) \end{bmatrix}, \quad (20)$$

$$X = [\lambda_1, \dots, \lambda_{M-1}, \lambda_M]^T. \quad (21)$$

通过正交分解即可求得未知参数 $\{\lambda_1, \dots, \lambda_{M-1}, \lambda_M\}$. 由此可见, 引入 Mahalanobis 距离作为附加项, 并将非线性方程组转化为线性方程组求解的方法, 能够估计形状参数 λ_i , 同时计算出 d_i 和 $m(j)$ 的最短距离, 实现测试样本与点分布模型之间的拟合.

3DMFB-PDM 的建模与拟合过程如图 1 所示, $N_{s,1}$ 表示第一个测试样本, $h = 1, \dots, H$ 为测试样本的个数, $S_{P,1}(\lambda_i)$ 为与 $N_{s,1}$ 进行拟合的点分布模型, $\text{Sim}\langle S_{P,1}, N_{s,1} \rangle$ 为点分布模型与 $N_{s,1}$ 进行相似性度量. 由图 1 可知, 在构建点分布模型时, 首先通过普氏分析将训练样本集中的模板样本和目标样本对齐, 然后在样本间建立对应关系, 并根据已经建立的对应关系生成点分布模型. 在点分布模型与测试样本进行相似性度量时, 应计算点分布模

式中: μ 为放宽目标函数对点分布模型的约束参数. 将式 (12)、(14) 代入式 (15), 得到目标函数 f 的最终表达式为

$$f = \mu \left\{ \sum_{i=1}^D \sum_{j=1}^K \|d_i - (R(\bar{S}(j) + \sum_{i=1}^M \lambda_i p_i(j)) + T)\|^2 \right\} + (1 - \mu) \sum_{i=1}^M \frac{\lambda_i^2}{u_i}. \quad (16)$$

目标函数 f 是非线性的, 求解比较困难, 因此将其转化为线性方程组来进行求解. 在求解模型的未知形状参数 λ_i 时, 将目标函数 f 相对于 λ_i 进行微分, 并使等式为 0, 则有:

$$\frac{\partial f}{\partial \lambda_i} = \mu \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \left\{ \sum_{i=1}^D \sum_{j=1}^K \|d_i - (R(\bar{S}(j) + \sum_{i=1}^M \lambda_i p_i(j)) + T)\|^2 \right\} + (1 - \mu) \sum_{i=1}^M \frac{2\lambda_i}{u_i} = 0. \quad (17)$$

结果可以由线性方程组的形式表示为

$$AX = B, \quad (18)$$

型与测试样本的距离, 如果二者之间的距离最小, 则进行拟合; 反之, 则引入附加项, 调整点模型的参数 λ_i , 使其与测试样本的距离最小, 以达到最佳拟合效果.

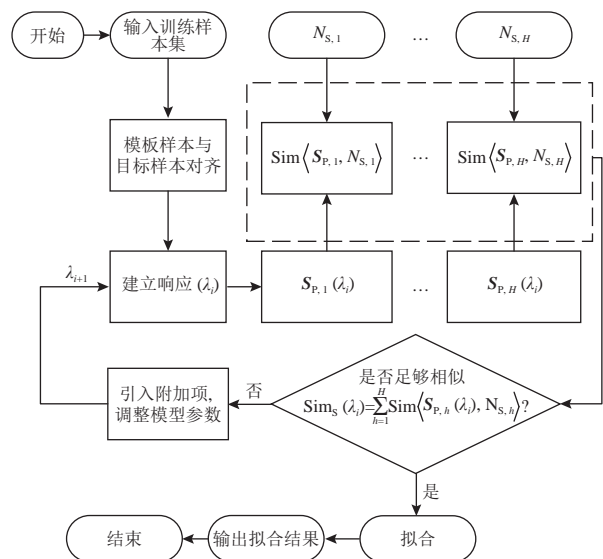


图 1 3DMFB-PDM 的建模与拟合流程图

Fig.1 Diagram of 3DMFB-PDM modeling and fitting

3 实验验证

3.1 通用性验证

用 30 组骨盆的 CT 扫描图像作为原始输入图像,实验验证 3DMFB-PDM 的通用性,CT 分辨率在平面上为 0.9 mm,在切片之间为 1.5 mm.将骨盆的左侧股骨区域作为感兴趣区域,通过对骨盆的 CT 扫描图像进行数据处理,得到 30 组左侧股骨的 3D 模型并将其作为训练样本集,将 30 组左侧股骨的 3D 模型用 CloudCompare^[22] 在一个窗口中显示,结果如图 2 所示.



图 2 30 组左侧股骨的 3D 模型

Fig.2 3D models of left femur in thirty groups

给定含有 30 组左侧股骨的训练样本集 $\Omega = [S_1, S_2, \dots, S_N]$, $N = 30$. 训练样本集的人体测量学信息如表 1 所示,其中 W 、 H 、 F 、 V 分别为训练样本的体重、身高、三角形表面个数、三角形顶点个数. 任意选择训练样本集 Ω 中的 3D 模型(如 011),将其作为模板样本 S_t 并可可视化,结果如图 3 所示. 在得到 S_t 的可视化结果后用点云将其表示出来,并记录顶点的个数,如图 4 所示. 对图 4 分析可知,其顶点个数为 57 224,将 Ω 中的所有股骨图像都用点云表示后的股骨图像的顶点个数为 4 432~78 176. 将 S_t 、 Ω 中的剩余样本对齐,并通过自由变形(free-form deformation, FFD)^[23] 的方式在训练样本间建立对应关系并生成训练样本的点分布模型,如图 5 所示. 当得到训练样本的点分布模型后,计算点分布模型与测试样本的距离,并根据结果调整点分布模型的参数,使点分布模型与测试样本有效地拟合. 当 30 组左侧股骨点分布模型与测试样本进行拟合时,首先将 30 组左侧股骨 $\{S_1, \dots, S_{11}, \dots, S_{30}\}$ 用点云的形式表示出来,得到 $\{S'_1, \dots, S'_{11}, \dots, S'_{30}\}$, 然后由 $\{S'_1, \dots, S'_{11}, \dots, S'_{30}\}$ 生成点分布模型 S_p , 并将 S_p 与测试样本拟合,通过调整 S_p 的形状参数使 S_p 与测试样本的距离最小,完成拟合.

表 1 30 组左侧股骨图像的人体测量学信息

Tab.1 Anthropometric information of left femur images in thirty groups

ID	年龄	性别	W/kg	H/cm	F/n	V
001	25	男	61	175	102 080	51 042
002	29	男	72	180	98 744	49 370
003	32	男	70	167	87 876	43 940
004	26	男	66	165	109 528	54 752
005	26	男	63	170	112 800	56 410
006	29	男	80	180	106 268	53 130
007	30	男	83	176	156 348	78 176
008	35	男	79	175	117 744	58 876
009	32	男	75	170	97 116	48 560
010	32	男	80	168	76 204	38 110
011	27	男	62	166	114 452	57 224
012	26	男	60	181	99 548	49 770
013	30	男	80	182	95 536	47 760
014	33	男	83	178	99 512	49 746
015	30	男	85	179	92 184	46 084
016	42	女	65	159	95 432	47 708
017	40	女	62	158	88 288	44 140
018	41	女	62	162	56 244	28 120
019	36	女	60	163	80 476	40 236
020	34	女	61	172	93 272	46 640
021	26	女	58	173	91 248	45 600
022	24	女	56	170	107 988	53 988
023	31	女	56	160	110 216	54 922
024	30	女	57	161	88 268	44 114
025	25	女	45	167	8 840	4 432
026	26	女	40	168	87 296	43 648
027	28	女	46	166	123 404	61 698
028	30	女	61	159	86 020	43 024
029	38	女	65	158	102 688	51 344
030	40	女	60	163	89 912	44 960

由式(7)、(8)可知,特征向量的取值对应变形模型的取值,并且点分布模型可以由前 G 个变形模型精确近似. 对于 30 组左侧股骨,计算前 20 个特征向量. 发现由前 7 个特征向量可以表征 98.5% 的变形模型,随着特征向量的继续增加,特征向量表征变形模型的百分比增加幅度很小,因

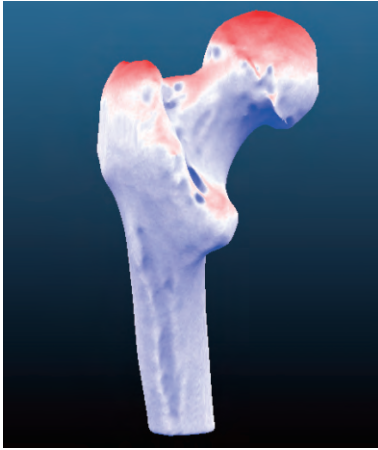


图 3 模板样本的可视化结果

Fig.3 Visualization results of template sample

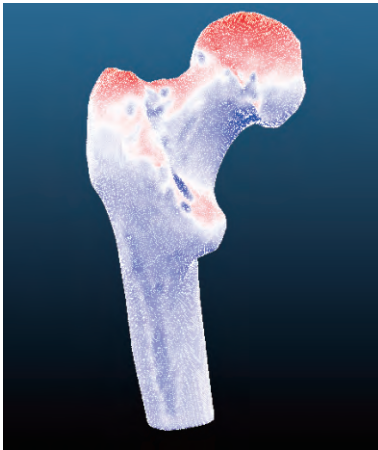


图 4 模板样本的点云表示

Fig.4 Point cloud representation of template sample

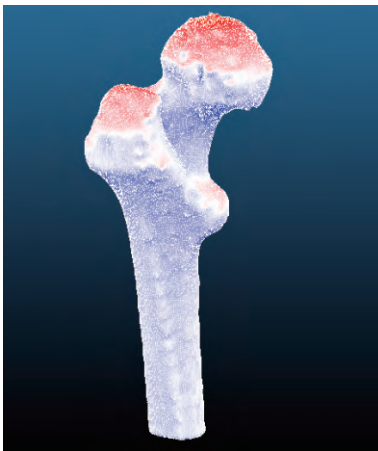


图 5 训练样本的点分布模型

Fig.5 Point distribution model of training sample

此可以用前 7 个变形模型来近似变形模型. 图 6 为用部分变形模型表征的变形模型过程. 图中, EV 为特征向量的数量, SM 为累加的变形模型占整个变形模型的百分比. 由图可以看出, 前 7 个变形模型可以近似表征整个变形模型.

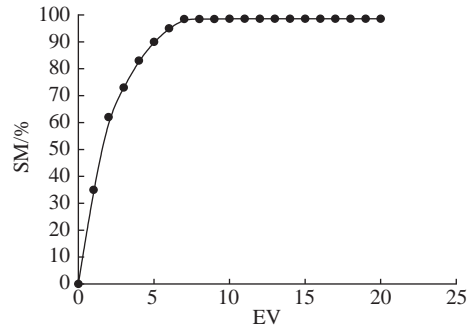


图 6 特征向量表征变形模型的百分比

Fig.6 Eigenvectors represent percentage of deformation models

3.2 拟合误差评估

在判断距离是否达到最小时, 根据图 1 中的相似度量函数判断

$$\text{Sim}_S(\lambda_i) = \sum_{h=1}^H \text{Sim}\langle S_{P,h}(\lambda_i), N_{S,h} \rangle. \quad (22)$$

给 Sim_S 设定阈值. 阈值的设定方式主要有 2 种: 1) 非经验性的阈值设定; 2) 根据不同的实验数据, 反复尝试并观察实验结果, 根据经验设定阈值. 虽然根据经验确定阈值存在误差, 但相较于方式 1), 此方式的计算量小且计算过程也相对简单, 因此应用广泛. 邹涛等^[24]通过经验确定文本分类模型的阈值参数, 实现中文文档自动分类系统; Guha 等^[25]通过经验设定相似性阈值, 将输入数据点作为图的连通分量, 极大程度地减少了算法运行的时间. 本研究阈值的设定根据经验确定, 通过多次实验并观察实验结果是否最优, 设定合理的阈值. 阈值大小的设定也会对实验结果产生影响. 通常来说, 阈值大小的设定会影响点分布模型与测试样本的拟合误差以及形状参数 λ_i 的迭代次数. 阈值设定过大, 点分布模型与测试样本之间的距离越大, 使二者间的拟合误差越大; 阈值设定过小, λ_i 的迭代次数越多, 点分布模型与测试样本拟合所需的时间越长.

设定 Sim_S 的阈值后, 计算点分布模型与测试样本之间的距离, 当二者间的距离大于预先定义的阈值, 说明间距还没有达到最小, 引入附加项, 对形状参数 λ_i 进行迭代, 这时形状参数由 λ_i 变为 λ_{i+1} . 在引入附加项后, 点分布模型与测试样本间的拟合误差减小, 但是不一定达到阈值, 因此继续迭代点分布模型的形状参数, 直到二者间的拟合误差小于阈值的时候, 迭代停止, 将点分布模型与测试样本进行拟合, 输出拟合结果.

为了评估 S_P 与测试样本的拟合误差, 比较 3DMFB-PDM 在未引入附加项时的拟合误差 ED、附加项后的拟合误差 (ED+MD). 用最大误差

Max、平均误差 Mean 和均方根误差 RMS 作为评价指标,结果如表 2 所示.由表可知,引入附加项后的拟合误差小于未引入附加项的拟合误差.表 2 为 S_P 与单个测试样本拟合的结果,为了进一步验证 3DMFB-PDM 的通用性,选取多个测试样本与 S_P 拟合,结果如表 3 所示.由表可知,3DMFB-PDM 在多个测试样本进行拟合时仍然能够满足要求.

为了进一步分析 3DMFB-PDM 的效率,将 30 组左侧股骨作为训练样本集,并对比分析 3DMFB-PDM 与 MDL、SLIDE、文献[15]、文献[18]、文献[19]在构建左侧股骨点分布模型所需的时间,结果如表 4 所示.表中, t 为每种方法运行的时间.由表可知,3DMFB-PDM 构建左侧股骨点分布模型所需的时间最短.文献[18]的方法略长于 3DMFB-PDM; SLIDE 通过滑动特征点,不断计算每个特征点的切线方向,因此耗时最长.由此可见,相比于其他方法,3DMFB-PDM 在构建点分布模型所需的时间上具有一定的优势.

为了比较 S_P 与测试样本在不同方法下的拟合误差,将文献[15]、[18]、[19]中的方法与 3DMFB-PDM 进行对比,结果如表 5 所示.文献[15]、[19]

表 2 未引入附加项与引入附加项的误差比较

Tab.2 Error comparison between no additional item and additional item mm

评价指标	Max	Mean	RMS
ED	14.357	2.433	3.328
(ED+MD)	12.268	2.429	3.114

表 3 点分布模型与多个测试样本的误差比较

Tab.3 Error comparison between point distribution model and multiple test samples mm

评价指标	ED			(ED+MD)		
	Max	Mean	RMS	Max	Mean	RMS
样本1	15.227	3.064	4.025	13.046	3.015	3.633
样本2	14.629	2.921	3.359	12.437	2.437	3.217
样本3	13.753	2.735	3.016	12.067	2.361	3.024
样本4	15.664	2.863	3.968	12.821	2.501	3.208

表 4 不同方法构建点分布模型的时间对比

Tab.4 Time comparison of different methods to construct point distribution model s

方法	t	方法	t
MDL	10.146	文献[18]	2.414
SLIDE	12.269	文献[19]	9.382
文献[15]	6.025	3DMFB-PDM	2.359

的最大拟合误差分别为 15.06、13.68 mm, 大于 3DMFB-PDM 的 12.27 mm, 表明 3DMFB-PDM 具有较小的拟合误差. 3DMFB-PDM 的平均误差和均方根误差分别为 2.42、3.11 mm, 与文献[15]、[19]的相比也明显较小, 表明 3DMFB-PDM 的拟合误差明显小于文献[15]、[19]的. 此外, 文献[18]的最大拟合误差、平均误差和均方根误差分别为 12.37、2.48、3.23 mm, 小于文献[15]、[19]的, 但略大于 3DMFB-PDM 的, 这是由于文献[18]方法在计算拟合误差时采用欧氏距离计算点分布模型与测试样本间的最小距离. 由此可见, 3DMFB-PDM 的拟合误差在 4 种方法中最小, 表明 3DMFB-PDM 能够有效地将 S_P 与测试样本拟合. 将这 4 种方法在 3 个测试样本下的拟合误差进行对比, 结果如表 6 所示. 当文献[15]、[19]方法与多个测试样本进行拟合时, 均具有较大的最大误差、平均误差和均方根误差, 因此它们的拟合误差较大, 拟合效果较差; 文献[18]方法与多个测试样本拟合时的误差较小, 当 3DMFB-PDM 与多个测试样本拟合时的最大误差、平均误差和均方根误差均为 4 种方法中最小的, 表明 3DMFB-PDM 具有最小的拟合误差. 因此, 与文献[15]、[18]、[19]方法相比, 3DMFB-PDM 构建的点分布模型能够有效拟合测试样本.

表 5 4 种方法的误差比较

Tab.5 Error comparison of four methods mm

方法	Max	Mean	RMS
文献[15]	15.006	4.325	4.113
文献[19]	13.685	3.037	3.419
文献[18]	12.371	2.486	3.235
3DMFB-PDM	12.268	2.419	3.114

表 6 4 种方法在 3 个测试样本下的拟合误差

Tab.6 Comparison of fitting errors of four methods in three test samples mm

方法	样本2			样本3			样本4		
	Max	Mean	RMS	Max	Mean	RMS	Max	Mean	RMS
文献[15]	13.965	3.974	4.261	14.217	4.233	4.037	14.368	4.725	4.479
文献[18]	12.174	2.316	3.216	12.537	2.518	3.168	12.265	2.241	3.092
文献[19]	13.962	3.114	3.512	13.379	2.983	3.428	13.315	3.016	3.374
3DMFB-PDM	12.037	2.165	3.191	12.366	2.401	3.037	12.117	2.235	2.894

3.3 模型性能评估

为了进一步评估 3DMFB-PDM 构建的点分布模型的性能, 将文献[15]、[18]、[19]方法与

3DMFB-PDM 进行对比验证,并将模型的紧凑性、特异性和通用性作为评价指标.紧凑性^[26](compactness)表示用尽可能少的主要变形模型表征整个点分布模型的变形能力,它被定义为对应于变形模型的特征值的累积.特异性^[27](specificity)表示模型生成的样本与训练样本集中的样本间的相似程度,它被定义为创建的形状样本与训练样本集中最相似的形状样本间的平均拟合误差.通用性^[28](generality)是模型生成未由训练样本集中明确提供的样本的能力,它被定义为遗漏训练样本集中的样本,用训练样本集中的剩余样本构建模型,计算构建的模型和遗漏的样本间的拟合误差.通常来说,紧凑性、特异性和通用性的值越小,模型的性能越好.4种方法构建点分布模型的性能对比结果如图7所示.图中,DM为变形模型的个

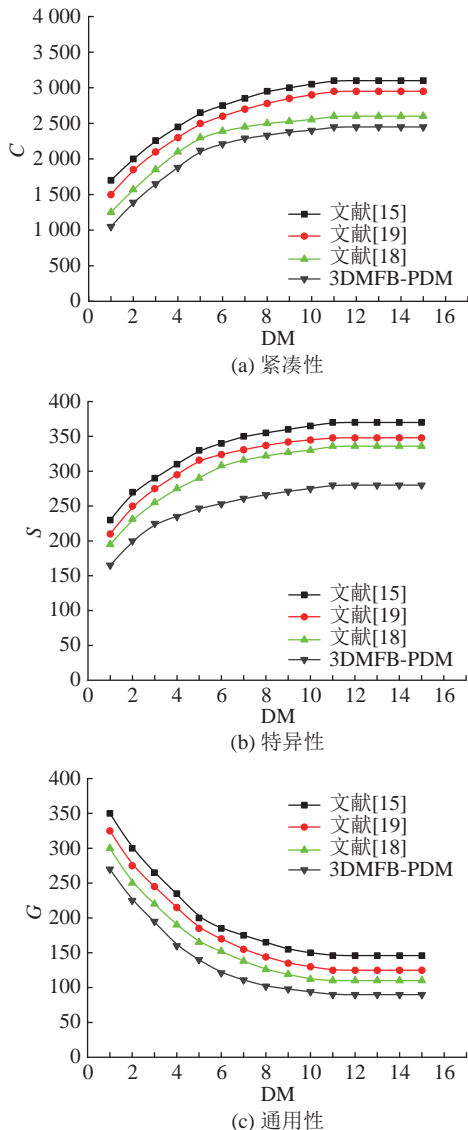


图7 4种方法构建的点分布模型的模型性能对比

Fig.7 Performance comparison of point distribution model constructed by four methods

数, C 、 S 、 G 分别为紧凑性、特异性和通用性表征的指标.由图可知,文献[15]、[19]方法紧凑性明显差于文献[18]方法和3DMFB-PDM,文献[18]方法紧凑性则略差于3DMFB-PDM;3DMFB-PDM的特异性明显优于其他3种方法;文献[15]方法的通用性最差,文献[18]、[19]方法的通用性接近,3DMFB-PDM的通用性明显优于其他3种方法.上述结果表明,3DMFB-PDM构建的点分布模型具有较好的性能.

4 结 语

将 Mahalanobis 距离作为附加项引入计算患者病患部位的 3D 解剖结构模型与测试样本的最小距离过程中,提出基于点分布模型的 3D 模型拟合方法.该方法通过引入 Mahalanobis 距离,将非线性方程组转换为线性方程组求解,同时判断点分布模型与测试样本距离是否最小,调整点分布模型的形状参数,使患者病患部位的 3D 解剖结构模型与测试样本间的拟合误差最小,解决传统方法构建的患者病患部位 3D 解剖结构模型与测试样本拟合效果较差的问题.实验结果表明,3DMFB-PDM 能够有效地将 3D 模型与测试样本拟合.在计算 3D 模型与测试样本的拟合误差时,本研究采用最大误差、平均误差、均方根误差和相似性系数衡量拟合程度,这在很大程度上依赖于 3D 模型与测试样本的最小距离计算.计算二者的最小距离的过程较为烦琐且耗时.未来将会研究如何尽可能的简化计算 3D 模型与测试样本的最小距离的过程,在保证二者之间的距离最小的同时简化计算的复杂度.

参考文献 (References):

- [1] ALLAN A, KEALLEY C, SQUELCH A, et al. Patient-specific 3D printed model of biliary ducts with congenital cyst [J]. *Quantitative Imaging in Medicine and Surgery*, 2019, 9(1): 86-93.
- [2] RAVIKUMAR N, GOOYA A, CIMEN S, et al. Group-wise similarity registration of point sets using Student's t-mixture model for statistical shape models [J]. *Medical Image Analysis*, 2018, 44(2): 156-176.
- [3] CLOUTHIER A L, SMITH C R, VIGNOS M F, et al. The effect of articular geometry features identified using statistical shape modelling on knee biomechanics [J]. *Medical Engineering and Physics*, 2019, 66(4): 47-55.
- [4] MARC A F, STEFFEN S, JOERG N, et al. Virtual reconstruction

- of bilateral midfacial defects by using statistical shape modeling [J]. **Journal of Cranio-Maxillofacial Surgery**, 2019, 47(7): 1054–1059.
- [5] HOLLENBECK J F M, CAIN C M, FATTOR J A, et al. Statistical shape modeling characterizes three-dimensional shape and alignment variability in the lumbar spine [J]. **Journal of Biomechanics**, 2018, 69(3): 146–155.
- [6] SHIRK J D, KWAN L, SAIGAL C. The use of 3-dimensional, virtual reality models for surgical planning of robotic partial nephrectomy [J]. **Urology**, 2019, 125(3): 92–97.
- [7] SINDHU V, SOUNDARAPANDIAN S. Three-dimensional modelling of femur bone using various scanning systems for modelling of knee implant and virtual aid of surgical planning [J]. **Measurement**, 2019, 141(7): 190–208.
- [8] 徐泽楷. 稀缺样本下基于深度学习的图像超分辨率方法研究 [D]. 武汉: 华中科技大学, 2019: 11–21.
XU Ze-kai. Research on deep learning image super resolution sparse samples [D]. Wuhan: Huazhong University of Science and Technology, 2019: 11–21.
- [9] LIU T, QIN S, ZOU D, et al. Mesoscopic modeling method of concrete based on statistical analysis of CT images [J]. **Construction and Building Materials**, 2018, 192(12): 429–441.
- [10] MEAKIN J R, HOPKINS S J, CLARKE A. In vivo assessment of thoracic vertebral shape from MRI data using a shape model [J]. **Spine Deformity**, 2019, 7(4): 517–524.
- [11] REYNEKE C J F, LÜTHI M, BURDIN V, et al. Review of 2-D/3-D reconstruction using statistical shape and intensity models and X-ray image synthesis: toward a unified framework [J]. **IEEE Reviews in Biomedical Engineering**, 2019, 12: 269–286.
- [12] NEUBERT A, FRIPP J, ENGSTROM C, et al. Statistical shape model reconstruction with sparse anomalous deformations: application to intervertebral disc herniation [J]. **Computerized Medical Imaging and Graphics**, 2015, 46(12): 11–19.
- [13] DAVIES R H. Learning shape: optimal models for analysing natural variability [D]. Manchester: University of Manchester, 2002: 34–40.
- [14] KELEMEN A, SZEKELY G, GERIG G. Elastic model-based segmentation of 3-D neuroradiological data sets [J]. **IEEE Transactions on medical Imaging**, 1999, 18(10): 828–839.
- [15] ECK S, WORZ S, MULLEROTT K, et al. A spherical harmonics intensity model for 3D segmentation and 3D shape analysis of heterochromatin foci [J]. **Medical Image Analysis**, 2016, 32(8): 18–31.
- [16] DAVIES R H, COOTES T F, TAYLOR C J. A minimum description length approach to statistical shape modelling [M]// INSANA M F, LEAHY R M. **Information processing in medical imaging**. [S.l.]: Springer, 2001: 50–63.
- [17] PEREZ S I, BERNAL V, GONZALEZ P N. Differences between sliding semi-landmark methods in geometric morphometrics, with an application to human craniofacial and dental variation [J]. **Journal of Anatomy**, 2006, 208(6): 769–784.
- [18] PLESSERS K, VANDEN B P, VAN D C, et al. Virtual reconstruction of glenoid bone defects using a statistical shape model [J]. **Journal of Shoulder and Elbow Surgery**, 2018, 27(1): 160–166.
- [19] NOLTE D, BULL A M J. Femur finite element model instantiation from partial anatomies using statistical shape and appearance models [J]. **Medical Engineering and Physics**, 2019, 67(5): 55–65.
- [20] HENSELER H, KHAMBAY B, JU X, et al. Landmark-based statistical procrustes analysis in the examination of breast shape and symmetry [J]. **Handchirurgie, Mikrochirurgie, Plastische Chirurgie**, 2014, 46(6): 342–349.
- [21] LUTHI M, GERIG T, JUD C, et al. Gaussian process morphable models [J]. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, 2018, 40(8): 1860–1873.
- [22] BEDKOWSKI J, PELKA M, MAJEK K, et al. Open source robotic 3D mapping framework with ROS—robot operating system, PCL—point cloud library and cloud compare [C]// **2015 International Conference on Electrical Engineering and Informatics**. Denpasar: IEEE, 2015: 644–649.
- [23] YU W, TANNAST M, ZHENG G. Non-rigid free-form 2D–3D registration using a B-spline-based statistical deformation model [J]. **Pattern Recognition**, 2017, 63: 689–699.
- [24] 邹涛, 王继成, 黄源, 等. 中文文档自动分类系统的设计与实现 [J]. 中文信息学报, 1999, 13(3): 26–32.
ZOU Tao, WANG Ji-cheng, HUANG Yuan, et al. The design and implementation of an automatic Chinese documents classification system [J]. **Journal of Chinese Information processing**, 1999, 13(3): 26–32.
- [25] GUHA S, RASTOGI R, SHIM K. Rock: a robust clustering algorithm for categorical attributes [J]. **Information Systems**, 1999, 25(5): 345–366.
- [26] HAQ R, CATES J, BESACHIO D A, et al. Statistical shape model construction of lumbar vertebrae and intervertebral discs in segmentation for discectomy surgery simulation [M]// VRTOVEC T, YAO J, GLOCKER B, et al. **Computational methods and clinical applications for spine imaging**. [S.l.]: Springer, 2015: 85–96.
- [27] MUTSVANGWA T, BURDIN V, SCHWARTZ C, et al. An automated statistical shape model developmental pipeline: application to the human scapula and humerus [J]. **IEEE Transactions on Biomedical Engineering**, 2014, 62(4): 1098–1107.
- [28] ZHENG G, LI Z C, GU J. Evaluation of 3D correspondence methods for building point distribution models of the kidney [C]// **2012 5th International Conference on BioMedical Engineering and Informatics**. Chongqing: IEEE, 2012: 637–640.