

针对医学重构模型的 3D 分割及压缩算法

余伟巍¹,席 平¹,何 飞²

YU Wei-wei¹,XI Ping¹,HE Fei²

1.北京航空航天大学 机械工程及自动化学院,北京 100191

2.昆明医学院 第一附属医院 骨科,昆明 650032

1.School of Mechanical Engineering and Automation, Beihang University, Beijing 100191, China

2.Department of Orthopedic Surgery, 1st Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming 650032, China

E-mail:yww929@sina.com

YU Wei-wei,XI Ping,HE Fei.3D segmentation and compressed algorithm for medical reconstructed model.Computer Engineering and Applications,2010,46(9):152–154.

Abstract: Convenient interactive tools for surgeons are provided to get ROI(Region Of Interest) from 3D reconstructed model.Pre-operative plan is designed with visual and accurate diagnostic information.Software framework based on VTK(Visualization ToolKit) is built, and 3D region growing algorithm is used to gain ROI, also mathematics morphological method is combined to eliminate morbid superposed data,to achieve accurate segmentation.Finally,dataset mask is modified to realize dataset compressed store.From the result of experimentation,it can illustrate the validation of foresaid algorithm and,prove the effect of 3D segmentation.

Key words: image processing;medical image;3D segmentation;region growing;Visualization ToolKit(VTK)

摘要:提供便捷的交互手段,从 3D 重构模型中精确分割感兴趣区域,为医生术前手术规划提供更为直观和准确的诊断信息。利用 VTK(Visualization ToolKit)开发包构架系统平台,采用 3D 区域生长法分割感兴趣部位,结合数学形态法消除数据的病态关联,实现精确分割,进一步修改数据掩模完成分割后数据的压缩存储。实验证明了上述算法的有效性,可得到良好的 3D 分割效果。

关键词:计算机图像处理;医学图像;3D 分割;区域生长;视觉化工具函式库(VTK)

DOI:10.3777/j.issn.1002-8331.2010.09.043 文章编号:1002-8331(2010)09-0152-03 文献标识码:A 中图分类号:TP391.41

1 引言

图像分割是将原始的 2D 或 3D 图像数据分割成具有不同特征的数据集合,并提取出感兴趣区域的技术和过程,也是图像处理到图像分析的关键步骤。在医学领域中,图像分割主要应用于提取病变部位、测量特定组织,医学数据可视化以及远程医疗数据的传输。直观而准确的分割效果可为临床诊疗和病理学研究提供可靠的依据,使医生能够对病变组织进行定性、定量的分析,从而提高了诊断的准确性和科学性。

传统的医学图像分割在实际应用中存在如下问题:(1)大多数分割算法是基于 2D 图像序列的分割^[1-3],利用 2D 图像本身特性信息(例如灰度、纹理等信息)完成感兴趣区域的分割,但并没有利用像素间的空间信息,得到的只是二维图像的结构信息,且交互操作过于专业,不够直观;(2)全自动图像分割算法因其对图像噪声和对比度敏感难以精确定位目标边界,分割结果往往不尽人意,而完全的手工分割耗时且不精确,在实际中难于接受;(3)在数据掩模基础上完成感兴趣区域的分割分离,其分割后的数据文件没有进行数据压缩存储,消耗了大量的磁盘空间,同时造成分割后的数据远程传输困难。

医学图像 3D 分割则是直接从 3D 医学体数据模型中提取出感兴趣区域,充分利用体素间的空间信息和连通属性,可以直观、便捷获取指定区域。目前 3D 图像分割算法主要由 2D 图像分割算法推广而来,根据具体的研究对象而采用不同的算法及其组合:文献[4]针对脑组织复杂回沟的分割,通过阈值二值化 3D 数据场,结合形态学断开弱连接提取所需数据,标记各连通区域,利用改进的种子填充算法进行填充,最终分割出感兴趣区域,并利用面绘制方法完成数据可视化;文献[5]是针对肺部组织的分割,利用改进的区域生长法完成 3D 数据场中肺部组织的分割提取;文献[6]采用的是基于一维 Otsu 方法的 B 超序列图像的三维分割算法,其本质上还是 2D 图像分割,只是在分割时考虑了前后切片图像的空间信息,减少人工交互完成分割过程。上述算法的处理流程都是由 2D 序列图像→3D 数据场→数据分割提取→可视化显示的正向处理过程,交互分割过程不够直观且分割后的数据文件大小与初始文件相同,给数据的存储和传输造成困难。

以医学 CT 图像中脊柱椎节数据分割分离为例,基于 VTK 构件开发环境,利用 RayCasting 算法重构 3D 体数据可视化模

基金项目:云南省自然科学基金(the Natural Science Foundation of Yunnan Province of China under Grant No.2007C242M)。

作者简介:余伟巍(1981-),博士研究生,主要研究方向为医学可视化,计算机图形学、知识工程;席平(1954-),教授,博士生导师,主要研究方向为复杂产品数字化设计,复杂曲面造型,知识工程等;何飞(1971-),博士研究生,副主任医师,主要研究方向为骨科外科、医学影像。

收稿日期:2008-10-29 **修回日期:**2008-12-19

型,借助生长种子探测器在 3D 模型中直观获取生长体素,采用 3D 区域生长法实现脊柱分割,结合数学形态法消除病态关联区域,实现各椎节的分割。最后,修改数据掩模完成分割后数据的分离及压缩存储,并给出算法的性能分析。

2 基于区域生长法的 3D 体数据分割

区域生长法以区域为处理对象,按照图像特征属性将其划分为不同区域,它是一种典型的串行区域 2D 图像分割方法,后续步骤的处理要根据前面步骤的结果进行判断后确定。其基本思想是按照一定的生长准则将图像像素映射到不同的集合,从而构成不同的区域,实现目标对象的分割。

针对体数据场的 3D 区域生长法是从 2D 到 3D 空间的推广,以空间体素为生长种子,根据一定的生长准则,将周围邻域中与种子相同或相似性质的体素合并到种子体素所在的集合中,并将新的体素当作种子继续生长,直到满足条件的体素全部被包含进来,结束生长过程。

3D 区域生长法的计算简单,效率高,但需要人工交互完成种子的获取和阈值设置,对噪声较为敏感,有时还会产生“空洞”或生长过度现象。

2.1 算法实现

为了避免生长过程中阈值设置的不合理,以及重复修改阈值带来的不便,系统通过改进的 RayCasting 算法快速完成数据场的 3D 重构,并在此过程中完成 3D 数据场的阈值设置及数据分类,消除了噪声等因素对后期生长过程的影响。

为了使生长种子的获取更为直观和方便,系统基于 VTK 中的 Widget 构造方式,设计一种子探测器,使之可以在 3D 重构模型中快速获取指定种子,并判断种子是否符合生长要求。

记:3D 数据场的像素尺寸为 $Dimension[3]$ (例如 $512 \times 512 \times 133$);待分割数据的有效灰度区间为 $Threshold_Q$;初始生长体素 ID 为 Id_v ,其灰度值 G_v ;处理新体素 ID 的队列为 $QueueIdList$;存储所有有效体素 ID 的队列 $ImageIdList$;3D 数据场的掩模为 $MaskImageData$,用于保存分割后的体数据。

算法具体描述如下:

(1)利用 RayCasting 算法完成 3D 体数据场的快速重构(设置合适的采样频率可加速这一过程),完成数据分类,构造 $MaskImageData$ 并清空其中数据灰度信息;

(2)利用种子探测器游动于 3D 模型中,获取生长体素 ID 值 Id_v ,判断其灰度值 G_v 有效性,如果 $G_v \in Threshold_Q$,则有效;

(3)构造数据队列 $QueueIdList$ 和 $ImageIdList$,令 $Id_n = Id_v$,获取 Id_n 周边体素 ID 值(6 连通): $Id_n+1, Id_n-1, Id_n-Dimension[0], Id_n+Dimension[0], Id_n-Dimension[0]*Dimension[1], Id_n+Dimension[0]*Dimension[1]$ 。通过其 ID 获取灰度值 G_i ,如果 $G_i \in Threshold_Q$ 则值有效,进一步判断其对应体素 ID 在 $QueueIdList$ 是否已经存在,没有,则将其作为新的种子添加进 $QueueIdList$ 中,最后从 $QueueIdList$ 中删除刚被访问完的体素 ID 值 Id_n ;

(4)将上述被删除的体素 ID 值 Id_n 添加进 $ImageIdList$ 中;

(5)继续从 $QueueIdList$ 队列表中提取新的体素 ID,重复步骤(3)、(4),直到 $QueueIdList$ 为空;

(6)访问 $ImageIdList$ 中的体素 ID 值 Id_k ,获取其在 3D 数据场中的灰度值 G_k ,赋值 $MaskImageData$ 中的体素 Id_k 的灰度值为 G_k ;

(7)至此,完成区域生长 3D 分割,分割后的体数据存储于 $MaskImageData$ 掩模中。算法效果如图 1 所示,从 3D 体数据场模型中分割出脊柱数据,并完成可视化显示。

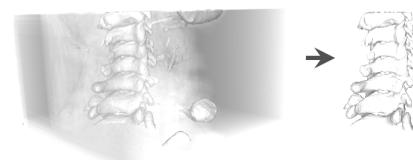


图 1 脊柱数据的 3D 分割图

2.2 算法分析

影响 3D 区域生长结果的因素有:

(1)初始生长种子的选取。由于先前基于体绘制完成了 3D 数据场的重构,只需利用种子探测器直观交互于 3D 模型,获取所需的生长种子,不同位置的生长种子可获取模型的不同部位;

(2)区域生长准则。骨组织是 CT 图像中灰度值最高的部分,对于脊柱的分割而言,系统中有效的体素其灰度值大于等于 200 均符合要求;

(3)生长结束条件。合适的生长条件可以控制生长的走势和方向,结束条件可以控制生长时间及数据的最终形状,系统中所给出的生长结束条件是直到 $QueueIdList$ 队列为空,对所有满足生长准则的体素完成一次性遍历。

此外,3D 区域生长对体积不大的区域分割效果较好,如果对体积较大的区域进行分割,则耗时会有所增加。这是因为随着区域范围的扩大,有效体素的增多, $QueueIdList$ 队列会进一步加长,生长结束更为耗时。

3 结合数学形态学的数据处理

数学形态学诞生于 1964 年,由法国巴黎矿业学院 G.Matherton 和 J.Serrac 共同创立^[7]。它是一种非线性滤波方法,在数字图像处理领域主要用于噪声过滤、边缘检测和图像的分割等。其基本思想是根据图像的结构特征,设计合适的结构元素对初始图像进行位移、交、并等运算,将有意义的形状信息从复杂的图像数据中提取出来。

腐蚀和膨胀是数学形态学的两种基本形态运算,两者互为逆运算。其中,腐蚀可以消除孤立噪声,缩小目标范围,在物体弱连接处分离物体;而膨胀则会扩展目标范围,增补目标间隙,使其形成连通域。

数学形态学应用于 3D 图像分割,其定位效果好、分割精度高、抗噪声性能好,但需要根据图像的结构特点设计合理的结构元素才能获得良好的分割效果。

3.1 算法实现

由于设备采样频率的限制,在一定程度上造成 CT 数据的不精确,使得原本分开的骨组织数据产生病态关联(如图 2 所示),而 3D 区域生长法无法将其自动分离开来,并且还会造成生长过度等问题。

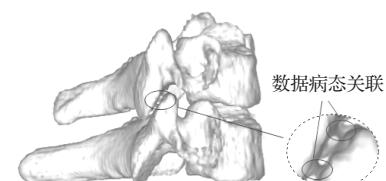


图 2 由于设备精度限制造成的数据病态关联图

为了实现脊柱中各椎节的分割,消除因设备精度限制造成的数据病态关联,系统根据目标对象的结构特点设计不同的结构元素(如图 3 所示)。

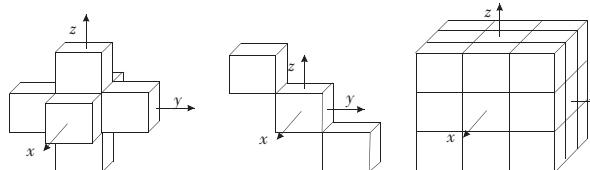


图 3 数学形态运算的结构元素图

系统先通过腐蚀操作消除病态关联区域,再利用 3D 区域生长分割分离椎节数据,最后利用膨胀操作复原椎节初始数据,完成数据的分割分离,整个过程如图 4 所示。

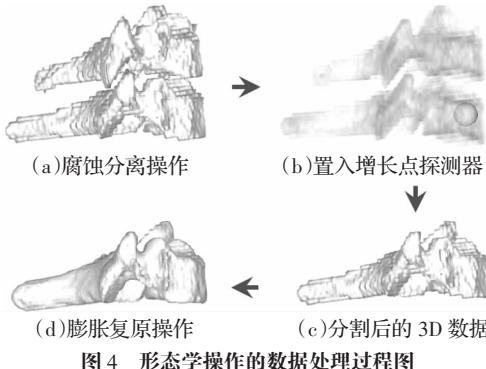


图 4 形态学操作的数据处理过程图

记: 初始数据中的有效体素 ID 值链表为 $ValidList$; 腐蚀后的有效体素 ID 值链表为 $ErosionIdList$; 膨胀后的有效体素 ID 值链表为 $DilationIdList$; 中转数据链表为 $TempIdList$;

算法具体描述如下:

(1) 粗略获取需要处理的目标区域, 获取有效的体素集合 $ValidList$;

(2) 构造 $ErosionIdList$ 、 $DilationIdList$ 和 $TempIdList$ 链表;

(3) 遍历 $ValidList$ 链表中的全部元素完成如下运算: 选取结构元素, 获取其中各体素 ID 值 Id_i , 判断其是否全部有效, 若 $Id_i \in ValidList$ 则有效, 将 $ValidList$ 链表中被访问元素加入到 $ErosionIdList$ 中;

(4) 体绘制 $ErosionIdList$ 中数据, 查看病态关联部位是否已经消除, 是, 则转步骤(5); 否, 则返回步骤(3), 设计合理的结构元素来消除数据的病态关联部位;

(5) 置入生长种子探测器, 获取分割目标处的生长种子, 完成 3D 分割, 将数据存储于 $TempIdList$ 链表中;

(6) 访问 $TempIdList$ 中的全部元素完成如下运算: 获取上述结构元素, 判断其各体素 ID 值是否已存在于 $DilationIdList$ 链表中, 否, 则加入链表中;

(7) 至此, 完成数据的数学形态学处理, 处理后的数据存储于 $DilationIdList$ 链表中。

3.2 算法分析

影响数学形态学算法效果的因素有:

(1) 数据的前期处理。前期处理操作限定合适的数据处理范围, 消除不必要的数据, 这对于提高后续的形态处理速度很有帮助;

(2) 结构元素的选取。合理的结构元素是有效的提取图像相关信息的关键, 一般要注意两个原则: 结构元素的有凸性; 结构元素在几何结构上比原图像简单, 尺寸也要明显小很多。

腐蚀可以把小于结构元素的物体删除, 选取不同大小的结构元素就可以删除不同大小的物体, 当结构元素足够大时就可以去两对象之间的细小连通, 将它们分开。上述算法实现数据分离的本质也正是如此。

4 数据分割的后期处理

传统的 2D 图像分割处理都是基于数据掩模完成的, 数据掩模和初始文件尺寸一样、像素点拓扑结构一致, 却不包含任何像素灰度信息。分割后的数据按其数据点位置一一对应, 将灰度信息赋给掩模像素点, 完成数据储存。然而, 分割前后的数据文件大小都没有发生变化, 分割后的文件并没有变小(如图 5 所示, 左侧为初始数据文件, 右侧为分割后数据文件, 其文件大小均为 57.2 KB)。

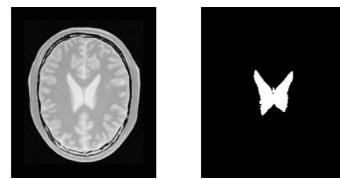


图 5 传统图像分割后的数据存储形式

当大批量的图像文件需要进行分割处理时, 其分割后的文件会耗费大量的储存空间, 造成存储上的困难, 尤其是提供远程的医疗服务, 实现远距离数据传输时, 会带来极大不便。

为了减少储存空间, 消除冗余数据, 系统修改了分割后的数据文件储存格式, 其处理过程如下:

- (1) 获取分割后有效体素的包围合大小, 该包围合描述了最终对象的大小和位置;
- (2) 按照上述包围合大小和位置构建与初始数据拓扑结构一致的规则数据场;
- (3) 完成有效体素数据由分割后的掩模到上述包围合数据场的一一映射;
- (4) 在数据文件中写入其他特定信息, 例如数据起始位置、存储时间等。

至此, 完成分割后目标对象的压缩存储, 其处理流程及效果如图 6 所示(最右侧为分离后的数据最终存储形式)。

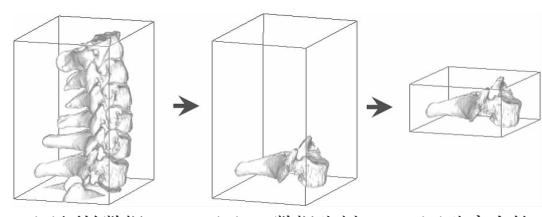


图 6 数据文件分割分离存储示意图

由于去除了大量的冗余信息, 分割后的数据文件压缩效率很高, 数据可视化过程耗时也明显减少。

系统平台的工作环境为: Intel® T2300(双核 1.66 GHz), 1 GB 内存, NVIDIA GeforceGo 7300 显卡(256 MB), 以 $512 \times 512 \times 233$ 的脊柱 CT 数据为例, 提取脊柱椎节对象, 给出不同采样精度情况下, 对系统中 3D 分割压缩前后的文件大小、可视化耗时等方面作一比较, 如表 1 所示。

表 1 图像数据 3D 分割算法处理前后比较表

采样精度	体素总数量/个	分割前数据大小/MB	分割前可视化耗时/s	数据处理后最终大 小/MB	数据处理后可视化耗时/s	文件压缩率/%
(1, 1, 1)	61 079 552	304	40	10.6	9	3.49
(0.8, 0.8, 0.8)	31 114 266	154	20	5.45	5	3.54
(0.5, 0.5, 0.5)	7 667 712	38.2	5	2.15	1	5.63