

基于 Hessian 矩阵的中心路径提取算法*

李光明, 田捷⁺, 赵明昌, 何晖光

(中国科学院 自动化研究所 医学影像研究室, 北京 100080)

Centerline Extraction Based on Hessian Matrix

LI Guang-Ming, TIAN Jie⁺, ZHAO Ming-Chang, HE Hui-Guang

(MIPG Group, Institute of Automation, The Chinese Academy of Sciences, Beijing 100080, China)

+ Corresponding author: Phn: 86-10-82618465, Fax: 86-10-62527995, E-mail: tian@doctor.com

<http://www.3dmed.net>

Received 2002-10-08; Accepted 2002-12-31

Li GM, Tian J, Zhao MC, He HG. Centerline extraction based on Hessian matrix. *Journal of Software*, 2003,14(12):2074~2081.

<http://www.jos.org.cn/1000-9825/14/2074.htm>

Abstract: Virtual endoscopy, which is a noninvasive procedure for detecting anomalies inside human organs, is meaningful for medical diagnosis and surgery. In order to perform an accurate navigation, the centerline of the model must be extracted. In this paper, a new centerline extraction algorithm based on Hessian Matrix is proposed. First, the distance transformation is performed. Then the initial path is obtained by computing the eigenvalues and eigenvectors of the Hessian matrix. After that, the visibility test with an adaptive visibility sphere radius, which is determined by the eigenvalues of the Hessian matrix, is carried out to remove the useless voxels in the centerline. Finally, the path with all the points staying away from the surface is generated by Dijkstra's shortest path algorithm. The experimental results illustrate the efficiency of the proposed algorithm.

Key words: virtual endoscopy; centerline extraction; Hessian matrix; visibility test

摘要: 虚拟内窥镜可用来对人体内部管腔结构进行无损检测,在医疗诊断及手术上有着重要意义。要想快速准确地进行虚拟内窥镜漫游,一个首要的步骤是要先提取出模型的中心线以指导视点的移动。提出了一种基于 Hessian 矩阵的中心路径提取算法。在距离变换的基础上,先利用 Hessian 矩阵的几何意义找出中心线的大致形状作为初始路径;然后进行可视性检测以确定最终的路径点,可视球的半径通过 Hessian 矩阵的特征值自适应地确定;最后用最短路径生成算法得到模型的中心路径。实验结果表明了该算法的有效性。

关键词: 虚拟内窥镜;中心路径提取;Hessian 矩阵;可视性检测

* Supported by the National Natural Science Foundation of China under Grant Nos.79990580, 69931010, 60172057, 60071002, 60072007, 30270403 (国家自然科学基金); the National Science Fund for Distinguished Young Scholars of China under Grant No.60225008 (国家杰出青年科学基金); the Special Project of the National Grand Fundamental Research 973 Program of China under Grant No.2002CCA03900 (国家重点基础研究前期研究专项(973)); the National High-Tech Research and Development Plan of China under Grant No.2001AA144120 (国家高技术研究发展计划(863))

第一作者简介: 李光明(1977-),男,山东菏泽人,博士生,主要研究领域为计算机图形学,医学图像处理。

中图法分类号: TP391

文献标识码: A

虚拟内窥镜技术是随着医学影像技术、计算机图像图形学及虚拟现实等学科的交叉与融合而逐步形成的一种独特的技术,是传统内窥镜技术的一种延伸.它无须往病人体内插入异物,极大地减轻了病人的痛苦,同时还能对常规内窥镜无法检查的区域(如椎管等)进行检查,在医疗诊断及手术上有着重要的意义.

在虚拟内窥镜所涵盖的诸多技术中,漫游技术无疑是其中重要的一环,它决定了医生如何控制虚拟相机对人体管腔内部进行观察.最简单的一种漫游方式是由医生直接控制所有的漫游参数(*free navigation*),如视点、视点方向、视角大小、焦距大小等.但这种方法由于没有利用任何管腔模型的结构信息,因而操作起来费时费力,并且对于一些较复杂的模型(如血管)在漫游时很容易迷失方向.目前较常用的两种漫游方式是自动漫游(*automated navigation*)和中心线引导的交互式漫游(*guided navigation*),它们都需要事先提取出管腔模型的中心线.如图 1 所示为一段结肠的三维模型及其中心路径^[1].如果采用自动漫游方式,则直接将该中心线作为视点移动的轨迹;交互漫游方式则将

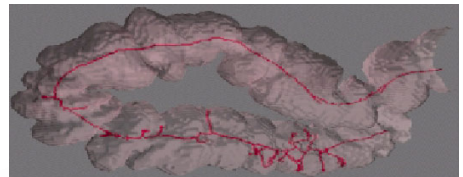
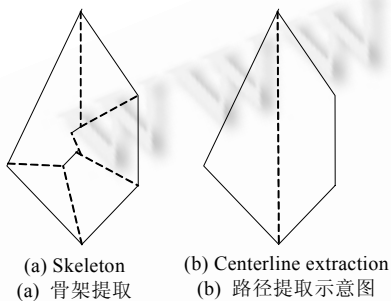


Fig.1 The shape and centerline of colon
图 1 一段结肠的三维模型及其中心路径



(a) Skeleton (b) Centerline extraction
(a) 骨架提取 (b) 路径提取示意图

Fig.2 The difference between skeleton and centerline extraction

图 2 抽取骨架与提取路径的区别

该中心线作为医生漫游时的导向,医生可在此基础上选择自己感兴趣的观察方向与角度.由此可见,中心路径提取的好坏将直接影响到漫游时的效果.

虚拟内窥镜中的路径提取与一般意义上的骨架抽取有些相似,但并不相同.图 2 以多边形为例,简单给出了它们的区别^[2].图 2(a)的虚线部分为骨架,图 2(b)的虚线部分为路径.骨架抽取要求保持模型的拓扑结构,并尽量保持模型的细节信息,如一些小的分支等;而路径提取的目的在于观察模型的内部及表面结构,它要求的是表面细节能够被路径上的点所看到,同时要尽量避免尖锐的突起.本文的主要目的就在于快速、准确地提取出用于指导医生内窥镜漫游的中心路径.

本文第 1 节介绍一些与本文相关的工作,第 2 节详细介绍我们的算法,第 3 节给出实验结果,最后是总结和展望.

1 相关工作

中心路径提取算法主要可分为 3 类:人工指定、拓扑细化和距离变换.

人工指定算法要求用户一张张地在切片上直接指定中心点,然后再将点连成线.与前面所述的完全人工漫游一样,这种方法耗时费力,已很少采用.

拓扑细化是一个较为传统的方法^[3,4],其主要思想是重复地一层层剥开物体,每一步只删除不会影响模型拓扑结构的点.拓扑细化方法是一个迭代过程,它能够保持模型的整体连接性.但该方法的计算量非常大,如何减少算法的运行时间是此类方法研究中的一个重要问题.

距离变换的方法^[2,5,6]主要基于这样的事实:物体的中轴应该是物体内到边界具有最大距离的点集.将二值数字图像转化成距离图,其上的每一点到最近的边界点距离最小.这类方法通常是先对二值体数据进行距离变换,然后将变换后的距离图看成是一个有向或无向的加权图,最后采用 Dijkstra 最短路径生成算法得到中心路径.距离变换的方法速度较快,但它在保持模型的拓扑结构方面不如拓扑细化的方法.

用于内窥镜漫游的中心路径提取多采用距离变换的方法,原因主要有两点:一是医学模型通常数据量巨大,采用拓扑细化的方法耗时太多;二是提取中心路径是为了在漫游时指导视点的移动,其主要目的在于更好地观察模型表面.

Taosong He^[2]针对虚拟内窥镜的特点,于2001年提出了一种称为 **Reliable Path** 的中心路径提取算法.He 的算法主要包括4个步骤:距离变换、找局部最大值、可视性检测和最短路径生成.He 的主要贡献在于提出了一种简单的可视性检测方法(**visibility test**)并用在虚拟内窥镜中,这与中心路径提取的目的是完全一致的,即不要严格保持模型的拓扑结构,但要保证在漫游时能够看到模型表面的所有体素.

Reliable Path 算法对于中心路径的提取有着重要意义,但它同时也存在一些不足.首先,该算法在进行可视性检测之前只是先简单地找出距离图的局部最大值点,中心路径点只是这些局部极值点的一个小的子集.事实上,这些点中的绝大部分在后续的操作中都被剔除掉,大大降低了算法的效率.其次,在可视性检测中,可视球的半径由人工经验值选定(作者采用1~3倍的最大距离值),这对于很多数据来说并不适用.除此之外,该算法在生成最短路径时没有考虑到模型非单连通时的情况.

针对这几点不足,本文提出了一种基于 **Hessian** 矩阵的中心路径提取算法.利用 **Hessian** 矩阵,我们可以初步找出三维距离图的脊线点,这些脊线点反映了中心路径的大致形状,可以作为初始路径,这显然比简单找出局部最大值点更有意义.同时,可视球的半径也不再固定,而是通过 **Hessian** 矩阵的特征值及距离变换的距离值自适应地确定,从而解决了 He 的算法中可视球半径只能由人工根据经验进行选择缺陷.在生成中心路径的过程中,我们通过判断路径上的点是否穿过模型表面来处理非单连通的网格模型.除此之外,**Hessian** 矩阵的特征向量还可用于漫游时的视点方向控制.

2 算法描述

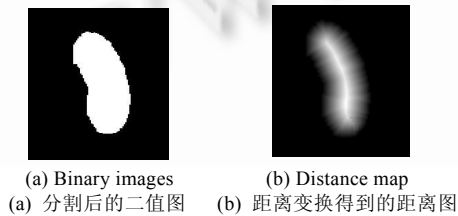


Fig.3 Distance transformation

图3 距离变换示意图

我们的算法以分割后的二值体数据为输入.与 **Reliable Path** 算法相似,我们的方法主要也包括4个步骤,即欧氏距离变换、利用 **Hessian** 矩阵找初始中心路径点、可视性检查和最短路径生成.对于距离变换,我们采用的是三维完全欧氏距离变换.具体的细节可参见文献[7].图3给出了一幅分割后的原始二值图及其对应的距离图.显然,经过距离变换,图3(a)的中心线应该对应于图3(b)中亮度较大的一条脊线.

我们的改进主要在于其余的3个步骤,下面给出这3个步骤的算法细节.

2.1 利用Hessian矩阵确定初始中心路径点

这里我们主要是通过分析图像的局部特性,利用 **Hessian** 矩阵找出中心路径的大致形状,避免了在可视性检测中对大量无用体素的检测,从而提高了算法的效率.

Taylor 级数展开是分析 n 维图像局部特性的一个常用方法.我们用 I 表示 n 维体数据,则空间中一点 P 的二阶 Taylor 展开式为: $I(P+\Delta P) \approx I(P) + \Delta P^T \nabla I(P) + \frac{1}{2} \Delta P^T H(P) \Delta P$. 这里 $\nabla I(P)$ 代表 P 点的梯度矢量, $H(P)$ 为 P 点的 **Hessian** 矩阵,由点 P 的二阶导数构建而成. n 维图像的 **Hessian** 矩阵为一个 $n \times n$ 的实对称矩阵,因而具有 n 个实特征值.对于我们所要处理的三维体数据而言,它是一个 3×3 实对称矩阵:

$$H(P) = \begin{pmatrix} I_{xx} & I_{xy} & I_{xz} \\ I_{yx} & I_{yy} & I_{yz} \\ I_{zx} & I_{zy} & I_{zz} \end{pmatrix}, \text{ 其中 } I_{ab} = \frac{\partial^2 I}{\partial a \partial b}.$$

在 $H(P)$ 的 n 个特征值中,幅值最大的特征值对应的特征向量代表着 P 点曲率最大的方向,同样,幅值最小的特征值对应的特征向量代表着 P 点曲率最小的方向.**Hessian** 矩阵的这一几何意义有着广泛的用途,如提取指纹图像中的脊线、二维医学图像的分割等.这里我们将其引入到中心路径的提取过程中.但由于单纯利用 **Hessian** 矩阵提取中心路径的效果往往不太理想,因而我们将其作为寻找中心路径的一个初始步骤,用来确定路径的大致形状,然后再对提取出的初始路径做进一步的处理.

在 n 维空间中寻找 m 维脊线的过程包括两个步骤^[8]:

I. 对 n 维空间中的任意一点 P , 将其 Hessian 矩阵的 n 个特征值按从小到大的顺序排列, 即 $\lambda_i < \lambda_{i+1}$ ($0 < i \leq n$). 假设 v_i 为对应于 λ_i 的特征向量, 则 $v_1 \dots v_{n-m}$ 决定了与 m 维脊线相垂直的横断方向.

II. 判断点 P 是否满足下面两个条件, 如果是, 则为 m 维脊线上的点:

(1) $v_i \cdot \nabla I = 0$ ($i=1, \dots, n-m$), ∇I 为点 P 的梯度;

(2) $\lambda_i < 0$ ($i=1, \dots, n-m$).

将上述准则用到三维距离图中, 我们可以得到这样的结论: 对于距离图中任意内部点 P , $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ 为其 Hessian 矩阵 $H(P)$ 的特征值, 并且 $\lambda_1 \leq \lambda_2 \leq \lambda_3$, v_1, v_2, v_3 为 $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ 对应的单位特征向量, 则满足下面两个条件的点被认为是脊线点:

$$\begin{cases} \lambda_1 \leq \lambda_2 < 0 \\ v_1 \cdot \nabla I = 0, v_2 \cdot \nabla I = 0. \end{cases} \quad (1)$$

对于第 2 个条件, 在实现时两个向量的点积显然不可能完全等于 0, 这里我们采用一种最直接的方式来近似: $(v_1 \cdot \nabla I)^2 + (v_2 \cdot \nabla I)^2 < 0.001$.

图 4 为利用上述方法找出的脊线点. 可以看出, 这些点大致反映了中心路径的形状, 但显然不够理想, 直接拿来构建中心路径并不合适. 事实上, 大量的实验表明, 直接通过这两个条件寻找出的脊线点往往不能令人满意. 我们可以考虑将距离变换得到的距离值与式(1)中的两个条件结合起来寻找中心路径点, 但采用这种方法很难找到一个合适的阈值以适应各种数据. 由于虚拟内窥镜中提取中心路径的目的在于更好地观察管腔的结构, 因而我们将这一步的结果作为初始路径, 然后采用可视性检测对其进行进一步的处理. 事实上, 从第 2.2 节可以看到, Hessian 矩阵不仅仅可以用来确定初始路径, 还能够与后续的可视性检测有机地结合起来, 从而根据模型的特点自适应地确定可视球的半径.

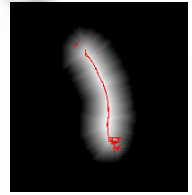


Fig.4 The extracted ridge using Hessian matrix

图 4 利用 Hessian 矩阵找出的脊线点

2.2 可视性检测

可视性检测是提取中心路径与提取模型骨架的一个主要的不同点, 其目的是保证每一个边界体素都能被至少一个中心路径点所看到. 通常的可视性定义及检测方法都比较复杂^[2], He 提出了一种较为简单的检测方式. 对于路径上的任意点 P , 首先以 P 为中心, 画一半径为 r 的可视球, 假设初始路径点中通过距离变换得到的最大距离值为 d , 则 $r=k*d$, $1 < k < 3$; 然后将落在可视球内的边界体素从边界体素表中去掉, 如果一个路径点所看到的所有边界体素都已经不在边界体素表中, 则将该点从路径中去除; 最后对每一个未被看到的边界体素, 从所有能看到该体素的内部点中找到一个距离值最大的点加入到路径中.

这种方法主要有两点不足:

(1) 可视球半径的选择. 如果管腔结构的横截面近似于圆, 并且管道的粗细分布较为均匀, 则根据公式 $r=k*d$, $1 < k < 3$ 来确定可视球的半径效果较好, 这时 k 取值应稍大于 1. 但显然一般的管腔模型没有这么规则, 近似为椭圆更为合理(图 12 中的漫游图像可以清楚地看到这一点). 图 5(a)和图 5(b)为一血管模型的两个侧面, 图 5(c)中的椭圆为模型横截面的近似形状. 显然, 此时如果 d 为初始路径点中通过距离变换得到的最大距离, 那么若 k 取得较小, 则无法保证看到周围所有的边界体素, 而若 k 取得过大, 在较细的地方可视球涵盖的范围也会过大, 从而导致这些地方中心路径点的分布过于稀疏.

(2) 检测速度比较慢. 如图 6 中圆圈内所示, 两条血管的分支相距很近. 这时如果系数 k 取得稍大, 则会使得一条分支内的路径点能够看到另一条分支的表面. He 为了避免这种情况的发生, 对可视性检测增加了新的限制. 假设 P 为一个中心路径点, S 为从 P 点能够看到的一个边界体素, 如果线段 PS 穿过了其他边界体素, 则把 S 从 P 的可见体素集中排除. 这是一个比较耗时的过程. 假如点 P 的可视球内有 N 个边界体素, 则对于点 P 就需要进行 N 次这样的检测, 并且每一次检测都要遍历其他 $N-1$ 个边界体素. 如果初始路径中共有 M 个点, 每个点的可视球包含的边界体素为 N_i (N_i 往往比较大), 则一共需要进行 $\sum_{i=1}^M N_i$ 次检测. 尽管 He 也采取了一定的加速方法, 但

总体来说速度仍比较慢.

针对这两个问题,我们对公式 $r=k*d$ 进行了改进.公式的形式并未改变,但 d 的意义发生了变化,系数 k 也不是简单的从 1~3 中间选取,而是根据模型的局部特点来确定.

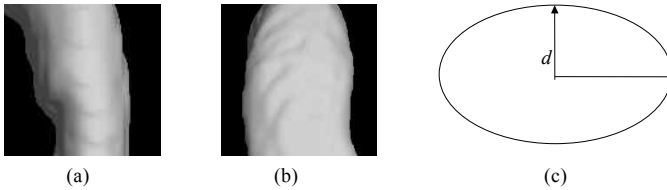


Fig.5 Two profiles of the blood vessel.

Its cross-section can be considered as an ellipse

图 5 部分血管模型的两个侧面及横截面的椭圆近似

原算法中 d 为距离变换后得到的最大距离值, k 为人工选取的一个固定值,也就是说,可视球的半径对所有的初始路径点来说都一样.事实上,根据点的局部特性来确定该点处可视球的半径更为合理.但距离变换得到的是每一点到边界体素的最小距离值,而在进行可视性检测的时候需要的往往是该点到其周围局部范围内边界体素的最大值.我们利用 Hessian 矩阵特征值的几何意义,找到最小值和最大值的联系,从而进行转换.

我们仍采用第 2.1 节中的表示方法.对于初始路径上任一点 P , $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ 为其 Hessian 矩阵的特征值,并且 $\lambda_1 \leq \lambda_2 \leq \lambda_3$, v_1, v_2, v_3 为 $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ 对应的单位特征向量,则 v_3 代表点 P 在初始路径上切线的方向, v_1, v_2 则决定了与切线方向垂直的平面.对于一般的管道模型来说,由 v_1, v_2 确定的平面与模型相交得到的截面可近似为一个椭圆,而 λ_1 与 λ_2 的比值则代表了椭圆长轴与短轴的比例(由于 $\lambda_1 \leq \lambda_2 < 0$,因而该比值大于等于 1),反映出椭圆与圆的近似程度^[9].我们用 d_p 表示 P 点处通过距离变换得到的距离值,那么 d_p 可近似为 P 点处椭圆截面的半短轴的长度,因而我们可以这样定义可视球的半径: $r_p = \frac{\lambda_1}{\lambda_2} \cdot d_p = k \cdot d_p$.这里, r_p 为 P 点的可视球半径,也可以认为是椭圆半长轴的长度; λ_1, λ_2 为 P 点处 Hessian 矩阵的两个较小的特征值.

这种方法能够较好地解决上面提到的两个问题.可视球的半径不再固定,而是根据路径点处模型的局部特性自适应地确定,避免了半径选取过大或过小引起的问题;同时对于任意路径点,由于其可视球半径不可能过大,因而也没有必要再判断“中心路径点与边界体素的连线是否穿过了其他边界体素”,从而极大地缩短了可视性检测的时间.对于初始路径点看不到的少数边界体素,我们用 He 的方法来解决^[2].

2.3 生成中心路径

我们用 Dijkstra 最短路径生成算法将上一步得到的路径点连成最终的中心路径.这是一个较为成熟的算法,这里无须赘述.需要说明的是,对于一些非单连通的模型来说,Dijkstra 算法会把两个并不相连的模型连接起来.因而在将点连成路径的过程中,同时判断其连线是否穿过了模型的边界,如果是,则将这两点断开.由于最终得到的中心路径点的个数相对于边界体素来说要少得多,而且也不是任意两点都要进行这样的判断,因而这个过程并不会耗掉太多的时间.下一节的实验结果中给出了这方面的例子.

2.4 算法总结

我们的算法以距离变换为基础,以 Hessian 矩阵为基本思想,并且利用 Hessian 矩阵对可视性检测进行了有益的改进,同时在生成最短路径时对算法加以限制,以处理非单连通的模型.算法的基本步骤如下:

- (1) 将体数据分为外部体素、内部体素和边界体素 3 类.
- (2) 对所有内部体素进行三维欧氏距离变换,得到距离图体数据.
- (3) 以距离图体数据作为新的输入,对每一个内部体素,计算其二阶导数,构建 Hessian 矩阵,并求出 Hessian 矩阵的特征值和特征向量,然后根据特征值的特性判断该内部体素是否在脊线上.
- (4) 对上一步找出的所有脊线点按距离变换得到的距离值进行排序,从而得到初始的中心路径点.

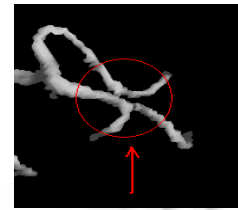


Fig.6 Two branches of blood vessel which stay close together

图 6 两条相距很近的血管分支

(5) 依次对所有的初始中心路径点进行可视性检查,保证每一个边界点都能被至少一个中心路径点“看到”。可视球的半径由该点 Hessian 矩阵的特征值及距离变换的距离值共同确定。

(6) 用 Dijkstra 最短路径生成算法将上一步得到的中心点连成路径,连接过程中同时判断路径上相邻两点的连线是否穿过了物体边界,如果是,则将这两点断开,以便处理非单连通的网格模型。

3 实验结果

我们在几个不同的数据集上对上述算法进行了实验.所有实验都是在一台 PIII 800,256MB 内存,操作系统为 Windows XP 的 PC 机上完成的,用标准的 OpenGL 图形函数库进行显示,显卡为 GeForce 2 MX-400/32MB.

3.1 人工模拟的数据

图 7 为人工模拟的管道数据.数据规模为 $128 \times 128 \times 100$,共有 4 843 个内部体素,3 383 个边界体素,提取出的中心路径点有 126 个.图 7(a)为从两个不同侧面看到的三维模型及提取出的中心路径.图 7(b)中虚线为理想的中心路径,实线为我们提取出的中心路径.可以看出,二者在空间上的位置差异并不大。

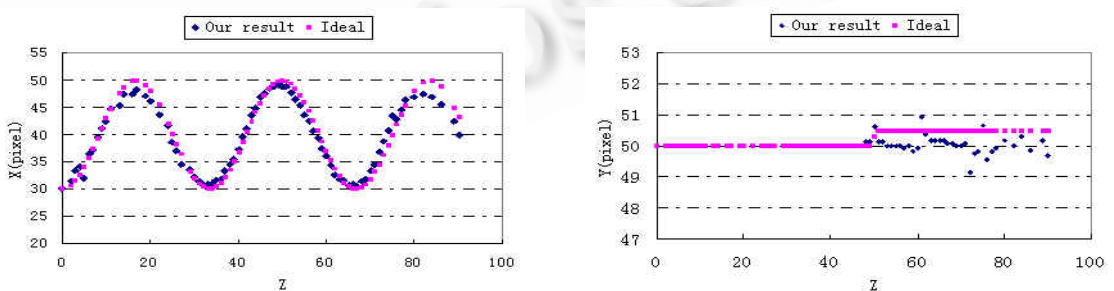


(a) The shape and the centerline of the simulated data from different angles (b) The comparison between our result and the ideal result
(a) 从不同角度看到的三维模型及其中心路径 (b) 我们的算法提取出的路径与理想路径的比较

Fig.7 Simulated data

图 7 人工模拟的数据

图 8 为我们的结果与理想结果的定量比较.我们采用文献[9]中的比较方法,即在相同 z 坐标的情况下比较两者 x, y 的平均坐标.图 8(a)为相同 z 坐标情况下的两条曲线在 x 方向上平均坐标比较的散点图(以像素为单位).两条曲线的相关系数达到 0.981,我们的结果与理想结果在 x 方向上的平均偏差为 1.23 个像素.图 8(b)为相同 z 坐标的情况下两条曲线在 y 方向上平均坐标比较的散点图,同样是以像素为单位.由图可以看出,在前 50 个点两条曲线吻合得相当好.后面的点(即模型分叉后提取出的点)相对前面的来说虽然较为凌乱,而且数值比理想的结果普遍偏小,但通过仔细观察不难看出,绝大部分点的误差都在一个像素以内,事实上,在 y 方向上的平均偏差为 0.23 个像素.这充分证明了我们算法的有效性。



(a) Comparison of average x -coordinate between our result and the ideal result with the same z -coordinate
(a) 相同 z 坐标的情况下我们的结果与理想结果在 x 方向上平均坐标的比较
(b) Comparison of average y -coordinate between our result and the ideal result with the same z -coordinate
(b) 相同 z 坐标的情况下我们的结果与理想结果在 y 方向上平均坐标的比较

Fig.8 The quantitative analysis between our result and the ideal result

图 8 我们算法的结果与理想结果的定量比较

3.2 实际的医学数据

图 9 为由头部 MRA 数据重建出的血管模型及其中心路径.数据规模为 $256 \times 256 \times 48$,其中内部体素为 6 213 个,边界体素为 5 422 个,中心路径点为 449 个.由于模型较为复杂,模型的不同分支在显示时会相互遮挡,因而给出了 3 个不同的角度以便于更好地观察,如图 9 中(a)~(c)所示.

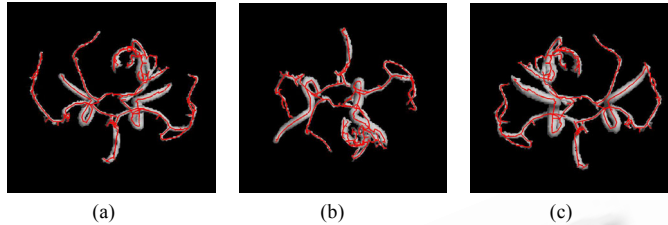


Fig.9 MRA data, the shape and the centerline of cerebral blood vessel, shown from three different angles

图 9 MRA 数据,从 3 个不同角度看到的血管模型及其中心路径

图 10 和图 11 为另外两个不同的数据.图 10 是腹部主动脉的一组数据,数据量大小为 $256 \times 256 \times 66$,共有 238 289 个内部体素,48 397 个边界体素.提取出的中心路径点有 111 个.图 11 为一组肝脏血管的数据,由于成像时造影剂打得不好,因而分割及重建出的各个分支并未相连.该数据分辨率为 $512 \times 512 \times 130$,其中内部体素 42 062 个,边界体素 20 357 个,中心路径点 605 个.这两组数据的共同点是数据量比较大,表现在内部体素和边界体素的个数较多.不同的是,图 10 中模型比较简单,提取出的路径也比较简单,而图 11 中模型较复杂,由于很多分支并不相连,因而在确定路径时要保证路径上的点没有穿过模型表面.

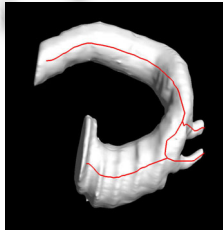


Fig.10 The shape and the centerline of abdominal artery

图 10 腹部主动脉的三维模型及其中心路径

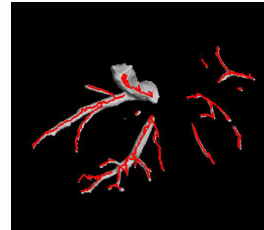


Fig.11 The shape and the centerline of hepatic blood vessel

图 11 肝脏血管模型的部分分支及其中心路径

图 12 给出了几帧内窥漫游的图像.Hessian 矩阵中代表切线方向的特征向量可作为漫游时视点的方向.

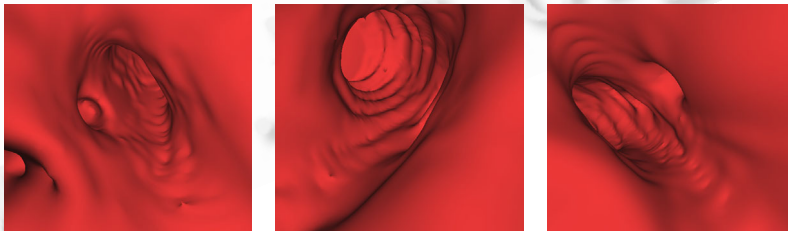


Fig.12 Three navigation frames inside the blood vessel

图 12 3 帧内窥漫游的图像

3.3 运行时间

表 1 给出了上面几组数据的运行时间,包括距离变换、利用 Hessian 矩阵找初始路径点、可视性检测及总的运行时间.其中距离变换属于最耗时的一个步骤.快速距离变换所耗费的时间不仅与数据量的大小(边界体素和内部体素的个数)有关,还与模型的复杂程度有密切关系.典型的表现是 MRA 数据和人工模拟的数据在数据量上相差不多,肝脏血管和腹部主动脉的数据量也差不多,但明显的是,前者比后者在距离变换上耗时要多.其次耗时相对较多的是可视性检测.我们的算法在这一步耗时明显少于 He 的算法,原因在第 2.2 节中有过详细

介绍.注意到,我们的算法对于 MRA 数据来说可视性检测耗时比人工模拟的数据要多,而 He 的算法则相反.这是由于 He 的算法对于人工模拟的数据来说时间主要耗在检测“路径点与边界体素的连线是否穿过了其他边界体素”这一过程中.不过整体来说,可视性检测的时间主要还是受模型数据量的影响.利用 Hessian 矩阵找初始路径点耗时较少,这一方面由于 3×3 矩阵维数不高,另一方面在于求特征值和特征向量也存在着快速算法.同时由于对所有的点只需要一块 3×3 矩阵来存放 Hessian 矩阵,因而对于内存的耗费也基本没什么影响.

Table 1 Running times for our method. The run time of visibility test for He's method^[2] is shown in the brackets in the 4th column

表 1 本文算法用于不同数据集上的运行时间其中可视性检测一栏中括号内为 He^[2] 的算法所用的时间

	Distance map (s)	Ridge extraction using Hessian matrix (s)	Visibility test (s)	Total (s)
Simulated data	1.833	0.06	0.351 (1.342)	2.364
MRA	4.677	0.08	0.621 (1.131)	7.32
Abdominal artery	7.721	0.53	48.309 (443.007)	57.551
Hepatic blood vessel	63.797	0.821	34.58 (191.636)	106.868

4 总结与展望

本文提出了一种基于 Hessian 矩阵的中心路径提取算法.通过对距离图上的每一个内部点构建 Hessian 矩阵并求出其特征值和特征向量,我们不但可以找出三维体数据中的脊线点作为初始中心路径,还可以用来自适应地确定可视性检测中可视球的半径.同时,Hessian 矩阵的特征向量还可以用于漫游时的视点方向控制.本文的算法在效果和速度上都能取得较为令人满意的效果.

在得到中心路径后,如何指导医生进行更快、更好的漫游,如何让医生更清晰、更准确地观察管腔内的结构是今后要研究的一个重要内容,否则路径的提取将失去意义.在此基础上,我们还可以考虑进行两方面的研究:一是将基于图像的绘制技术应用到漫游过程中;二是利用中心路径对管腔模型进行展平.

References:

- [1] Vilanova A, König A, Gröller E. VirEn: A virtual endoscopy system. *Machine Graphics & Vision*, 1999,8(3):469~487.
- [2] He TS, Hong LC, Chen DQ, Liang ZR. Reliable path for virtual endoscopy: Ensuring complete examination of human organs. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 2001,7(4):333~342.
- [3] Hong LC, Muraki S, Kaufman A, Bartz D, He TS. Virtual voyage: Interactive navigation in the human colon. In: Turner W, ed. *Proceedings of the SIGGRAPH'97*. Los Angeles: ACM Press, 1997. 27~34.
- [4] Pavlidis T. A thinning algorithm for discrete binary images. *Computer Graphics and Image Processing*, 1980,13(2):142~157.
- [5] Wan M, Dachille F, Kaufman A. Distance-Field based skeletons for virtual navigation. In: *Proceedings of the IEEE Visualization 2001*. 2001. 239~246.
- [6] Bitter I, Kaufman AE, Sato M. Penalized-Distance volumetric skeleton algorithm. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 2001,7(3):195~206.
- [7] Saito T, Toriwaki JI. New algorithms for euclidean distance transformation of an n-dimensional digitized picture with applications. *Pattern Recognition*, 1994,27(11):1551~1565.
- [8] Furst JD, Pizer SM. Marching optimal-parameter ridges: An algorithm to extract shape loci in 3D images. In: Wells WM, Colchester A, Delp S, eds. *Proceedings of the MICCAI'98 (Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention)*. New York: Springer-Verlag, 1998. 780~787.
- [9] Aylward SR, Bullitt E. Initialization, noise, singularities, and scale in height ridge traversal for tubular object centerline extraction. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2002,21(2):61~75.