

Improvement of Statistical Shape Models for Non-rigid Tissues Using Coherent Point Drift Algorithm

M. Delavari¹, A. H. Foruzan^{2*}, Y. W. Chen³

¹MS Student, Biomedical Engineering Department, Engineering Faculty, Shahed University, Tehran, Iran

²Assistant Professor, Biomedical Engineering Department, Engineering Faculty, Shahed University, Tehran, Iran

³Professor, College of Information Science and Engineering, Ritsumeikan University, Shiga, Japan

Abstract

Statistical Shape Models are used to interpret shapes. They include mean and variance of corresponding points of training shapes. One of the most important challenges in building statistical shape models is to establish correct correspondences among landmarks in a training set. In this paper, the non-rigid CPD (Coherent Point Drift) method is used to find correct correspondences among points. This method uses both Deterministic Annealing and a non-rigid scheme to register two shapes simultaneously. Then, the statistical shape model is built using a rigid transformation. The proposed method is evaluated using Compactness, Generalization ability and Specificity measures. The built model is compared to models created using the ICP (Iterative Closest Point), TPS-RPM (Thin Plate Spline – Robust Point Matching) and MDL (Minimum Description Length) methods by these metrics. The results show that the proposed method performs like the MDL regarding Specificity measure (0.21 ± 0.06). The Compactness and Generalization ability measures of the proposed method are very similar to those for the MDL method. The run-time of our proposed method is about 68 seconds which is faster than non-rigid TPS-RPM and MDL approaches (390 and 3600 seconds respectively). Our results are superior to the ICP and TPS-RPM algorithms.

Keywords: *Coherent Point Drift, Corresponding points, Liver shape model, Medical image registration, Statistical shape models*

*Corresponding author

Address: Amir Hossein Foruzan, Biomedical Engineering Department, Engineering Faculty, Shahed University, Persian Gulf Highway, Postal Code: 3319118651, Tehran, Iran

Tel: +98 21 51212026

Fax: +98 21 51212021

E-mail: a.foruzan@shahed.ac.ir

بهبود ساخت مدل شکل آماری بافت‌های غیرصلب با کمک الگوریتم *Coherent Point Drift*

مهدی دلاوری^۱، امیرحسین فروزان^{۲*}، ین وی چن^۳

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد مهندسی پزشکی، گروه مهندسی پزشکی، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران
^۲ استادیار، گروه مهندسی پزشکی، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران
^۳ استاد، دانشکده علوم انفورماتیک و مهندسی، دانشگاه ریتسومیکان، شیگا، ژاپن

چکیده

مدل‌های شکل آماری، از اطلاعات آماری جهت تفسیر و بررسی شکل استفاده می‌کنند. اطلاعات آماری شامل میانگین و واریانس نقاط متناظر شکل‌های مجموعه آموزش است. یافتن نقاط متناظر در بین نقاط اعضای مجموعه‌ی آموزش، یکی از چالش‌های مهم در ساخت مدل شکل آماری است. درین مقاله، از روش *CPD* جهت یافتن تناظر بین نقاط استفاده شد. درین روش، با ترکیب تناظر فازی، الگوریتم سرد شدن معین و انطباق غیرصلب دو شکل، تناظر بین نقاط به دست آمد. پس از یافتن نقاط متناظر، مدل شکل آماری با یک تبدیل صلب ایجاد شد. ارزیابی روش پیشنهادی با استفاده از میزان فشردگی، قابلیت تعمیم و اختصاصی بودن انجام شد. مدل ساخته شده به کمک روش پیشنهادی با مدل‌های ساخته شده به روش‌های *MDL*، *ICP*، *TPS-RPM* مقایسه شد. نتایج نشان می‌دهد که مدل پیشنهادی در معیار اختصاصی بودن با مقدار 0.21 ± 0.06 مانند روش *MDL* عمل می‌کند. در مورد معیارهای فشردگی و قابلیت تعمیم، نتایج به دست آمده با روش *MDL* مشابهت دارد. زمان متوسط اجرای الگوریتم در روش پیشنهادی ۶۸ ثانیه است، در صورتی که برای الگوریتم *TPS-RPM* ۳۹۰ ثانیه و برای الگوریتم *MDL* ۳۶۰۰ ثانیه است که برتری روش پیشنهادی را از نظر سرعت نشان می‌دهد. هم‌چنین در روش پیشنهادی، نسبت به روش‌های *ICP* و *TPS-RPM* عملکرد بهتری به دست آمد.

کلیدواژه‌ها: انطباق تصاویر پزشکی، الگوریتم *Coherent Point Drift*، مدل شکل آماری (*SSM*)، نقاط متناظر، مدل آماری کبد

۱- مقدمه

مجموعه‌ی آموزش، نیازمند ایجاد یک تناظر یک به یک در بین نقاط مجموعه‌ی آموزش است. صحت در یافتن نقاط متناظر یکی از چالش‌های مهم در ساخت مدل‌های آماری محسوب می‌شود و تأثیر قابل توجهی در کیفیت مدل آماری ساخته شده و تفسیر دقیق‌تر ارگان مورد مطالعه دارد [۱].

روش‌های مختلفی جهت یافتن تناظر بین نقاط ارائه شده که عموماً از انطباق ویژگی‌های دو شکل جهت یافتن تناظرها استفاده می‌کنند. این ویژگی‌ها می‌تواند شامل نقاط، خطوط، منحنی‌ها، سطوح و شدت روشنایی باشد. بدون در نظر گرفتن نوع ویژگی مورد استفاده، این روش‌ها باید بتوانند بر میزان نویز و داده‌های پرت^۷ غلبه کنند. وجود نویز به معنی عدم انطباق دقیق دو شکل است و وجود داده‌های پرت به معنی عدم وجود تناظر برای برخی ویژگی‌های یک شکل در شکل دیگر است که امکان دارد انطباق یک به یک ویژگی‌ها برآورده نشود [۱۴، ۱۵].

روش‌های انطباق را می‌توان بر حسب ویژگی مورد استفاده، به دو دسته‌ی روش‌های مبتنی بر ویژگی شدت روشنایی و روش‌های مبتنی بر ویژگی موقعیت نقاط در فضا دسته‌بندی نمود. از جمله روش‌های مبتنی بر شدت روشنایی می‌توان تصحیح هیستوگرام و تحلیل اطلاعات متقابل^۸ یا را نام برد. روش هیچ‌گونه ارتباطی بین شدت روشنایی‌ها در نظر نمی‌گیرد و ازین نظر برای انطباق تصاویر چند مدالیته^۹ مناسب است. در روش‌های مبتنی بر شدت روشنایی، دو شکل باید به اندازه‌ی کافی به یک‌دیگر نزدیک باشند که برآوردن این شرط همیشه امکان‌پذیر نیست. هم‌چنین این روش‌ها عمدتاً از انطباق صلب استفاده می‌نمایند و برای شکل‌های پیچیده و غیرصلب عملکرد مناسبی ندارند و در حضور نویز، منجر به ایجاد خطای بزرگ شده و در نتیجه انطباق اشتباه می‌شوند [۱۶].

روش‌های مبتنی بر موقعیت نقاط، به دو دسته‌ی انطباق صلب و غیرصلب تقسیم‌بندی می‌شوند. درین روش‌ها، با موضوع یافتن نقاط متناظر و یافتن تابع تبدیل فضایی که دو شکل را روی هم منطبق می‌کند مواجه است. برخی روش‌ها

بررسی تفاوت‌های ساختاری بافت‌های مختلف بدن انسان با ویژگی‌های یک بافت نرمال، یکی از روش‌های تشخیص ناهنجاری‌ها و بیماری‌ها است [۱]. مدل‌های شکل آماری^۱ که توسط کوتس^۲ معرفی شد، یکی از مهم‌ترین ابزارهای موجود جهت بررسی این تفاوت‌ها در تصاویر دوبعدی و سه بعدی است [۲]. مدل‌های آماری، تغییرات و حالات مختلف شکل مورد بررسی را ثبت و نگهداری می‌کنند. ازین روی، برای تحلیل بافت‌های طبیعی که تغییرات و تنوع شکل دارند مناسب است. در پردازش تصاویر پزشکی، مدل‌های آماری به طور گسترده در بخش‌بندی تصاویر، تحلیل تغییرات شکل، شناسایی و بازسازی شکل‌ها و برنامه‌ریزی جهت درمان مورد استفاده قرار گرفته‌است [۱-۴]. از مدل‌های آماری جهت بخش‌بندی بافت‌هایی مانند قلب، ریه، کبد، پروستات و استخوان‌هایی مانند استخوان لگن و مهره‌های ستون فقرات استفاده شده‌است [۵-۱۲]. هم‌چنین برای بررسی عدم تقارن مغز، بررسی اثر دارو بر قسمت‌های مختلف آن، تشخیص بیماری اسکیزوفرنی نرولیپتیک^۳ و روند درمان آن استفاده شده‌است [۴]. هم‌چنین برای بازسازی تاج و ریشه‌ی دندان-های شکسته جهت ساخت پروتز و ایمپلنت و پزشکی قانونی استفاده شده‌است [۳].

معیارهای مختلفی جهت بررسی کیفیت یک مدل آماری ارائه شده که معروف‌ترین آن‌ها میزان فشردگی^۴ بودن، میزان اختصاصی بودن^۵ و قابلیت تعمیم^۶ است [۱۳].

مدل‌های شکل آماری، از اطلاعات آماری ثبت شده مانند میانگین و واریانس برای تفسیر و بررسی شکل مورد مطالعه استفاده می‌نمایند. بدین منظور، به یک مجموعه از حالات مختلف شکل مورد بررسی موسوم به مجموعه‌ی آموزش نیازمندیم. قبل از ساخت مدل آماری، هریک از اعضای مجموعه‌ی آموزش توسط نقاطی موسوم به نقاط شاخص نمونه‌برداری می‌شوند. جهت میانگین‌گیری روی اعضای

¹ Statistical Shape Models, SSM

² Cootes

³ Neuroleptic-naïve schizophrenia

⁴ Compactness

⁵ Specificity

⁶ Generalization ability

⁷ Outlier

⁸ Mutual Information, MI

⁹ Multi-modality

این روش‌ها، روش ICP^6 است که از نزدیک‌ترین همسایه جهت یافتن یک تناظر باینری در هر تکرار استفاده می‌کند [۲۲]. این روش بسیار سریع است و هم‌گرایی آن به یک مینیمم محلی تضمین شده است. درین روش، نقاط دو شکل در ابتدای شروع الگوریتم باید به حد کافی به یکدیگر نزدیک باشند، برآوردن این شرط همیشه امکان‌پذیر نیست. این روش به دلیل ایجاد تناظر باینری، مینیمم‌های محلی زیادی ایجاد می‌کند که در برخی مواقع تناظر یک به یک را تضمین نمی‌کند. هم‌چنین وقتی که تغییر فرم شکل‌ها خیلی زیاد باشد این روش توانایی یافتن تناظرها را به درستی ندارد. در واقع این روش فقط برای شکل‌های صلب مانند استخوان-ها جواب قابل قبول دارد و فقط می‌تواند بر دوران، انتقال و تغییر مقیاس^۷ غلبه نماید. روش‌های Modified-ICP [۲۳]، EM-ICP [۲۴] و Affine-ICP [۲۵] نیز توسط برخی محققان جهت بهبود عملکرد روش ICP کلاسیک معرفی شده‌اند. علی‌رغم نوآوری‌های انجام شده، در حضور نویزها و داده‌های پرت منجر به تناظرهای اشتباه می‌شود. به دلیل استفاده از تناظر باینری، یک به یک بودن تناظرها تضمین شده نیست.

روش دیگر، روش $TPS-RPM^8$ [۱۴] است که از تبدیل غیرصلب TPS [۲۶] و مخلوط‌های گوسی جهت انطباق دو شکل استفاده می‌نماید. TPS تنها بی‌اسپلاینی است که قابلیت تفکیک به دو قسمت تبدیل افاین^۹ و وارپینگ^{۱۰} را دارد [۱۴]. بدین شکل، می‌توان با تعیین ضرایب برای ایندو قسمت، میزان و نحوه‌ی تغییرات فضایی را کنترل کرد. روش TPS-RPM از الگوریتم تکراری EM^{۱۱} [۲۷] جهت حل هم‌زمان مسأله‌ی انطباق و یافتن نقاط متناظر استفاده می‌نماید. الگوریتم EM شامل دو مرحله‌ی E و M است. در مرحله‌ی E، تناظرها از روی موقعیت فعلی نقاط محاسبه می‌شوند. در مرحله‌ی M با توجه به این تناظرها، تبدیل غیرصلب به روز رسانی می‌شود و نقاط به سمت موقعیت‌های جدید جابه‌جا می‌شوند. این روند تا هم‌گرایی و انطباق کامل ادامه می‌یابد. برتری این

از یافتن یک تابع تبدیل فضایی جهت انطباق دو شکل استفاده می‌کنند [۱۴]. روش گشتاورها یک روش کلاسیک است که از تحلیل گشتاورهایی مانند مرکز جرم و محورهای اساسی، جهت انطباق دو شکل استفاده می‌کند. این روش فقط تبدیل انتقال^۱ و دوران^۲ را پوشش می‌دهد که منجر به یک انطباق صلب با دقت کم می‌شود [۱۷]. روش‌های دیگری مانند روش تبدیل هاف^۳ جستجوی درختی^۴ و فاصله‌ی هاسدورف^۵ معرفی شده‌اند [۱۸-۲۰]. این روش‌ها برای انطباق‌های صلب مناسب است و نمی‌توان آن‌ها را به سادگی به تبدیل‌های غیرصلب تعمیم داد. زیرا، تعداد پارامترهای تبدیل با توجه به تعداد نقاط تغییر می‌کند [۱۴].

بعضی روش‌ها برای یافتن تناظرها بدون در نظر گرفتن تابع تبدیل دلالت دارند. جست‌وجوی تمام نقاط برای یافتن تناظرها کاری وقت‌گیر و در برخی اوقات غیر ممکن است. برخی روش‌ها نقاط را در ساختارهای سطح بالاتری مانند خطوط، منحنی‌ها و سطوح دسته‌بندی نموده و این ساختارها را بر ویژگی‌های به دست آمده از تصویر منطبق می‌کنند. این روش‌ها فقط وقتی که تعداد نقاط به اندازه‌ی کافی زیاد است تا منحنی‌ها و سطوح هموار بدهد و اطلاعاتی از حالات شکل در اختیار باشد، عملکرد قابل قبولی دارند. هم‌چنین ویژگی‌ها باید به درستی استخراج شده باشند. درین روش‌ها، مسأله‌ی انطباق منحنی‌ها و استخراج ویژگی‌ها به ویژه در حضور نویز و داده‌های پرت و هم‌چنین پیچیدگی شکل‌ها کاری مشکل و کم دقت است [۱۴]. برخی روش‌ها از انطباق گراف‌های وزن‌دار جهت انطباق نقاط استفاده می‌کنند [۲۱]. اما گراف‌ها باید به صورت دستی طراحی شوند که همیشه امکان‌پذیر نیست و نمی‌توانند عمومیت داده شوند.

برخی روش‌ها برای یافتن هم‌زمان تابع تبدیل فضایی و تناظر نقاط دلالت دارند که به سبب ساده‌تر بودن این روش‌ها نسبت به روش‌های قبلی و ارائه‌ی جواب‌های قابل قبول، مورد توجه بسیاری از محققان قرار گرفته‌اند. از معروف‌ترین

⁶ Iterative Closest Point

⁷ Scale

⁸ Thin-Plate Spline Robust Point Matching

⁹ Affine

¹⁰ Warping

¹¹ Expectation Maximization

¹ Translation

² Rotation

³ Hough transform

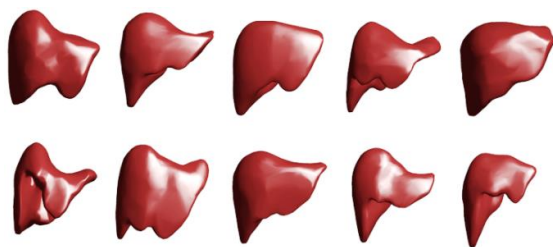
⁴ Tree search

⁵ Hausdorff distance

غیرصلب برای یافتن تناظر به همراه استفاده از تبدیل صلب برای ساخت مدل شکل آماری است. ترکیب این دو روش، افزایش دقت در یافتن تناظر و در نتیجه ساخت مدل و هم-چنین افزایش سرعت پردازش برای داده‌های سه‌بعدی با حجم زیاد است.

۲- روش پیشنهادی

در شکل (۱) برخی شکل‌های مختلف کبد در مجموعه‌ی آموزش نشان داده شده‌است. بافت کبد یک بافت غیرصلب است و تنوع شکل و پراکندگی بسیاری در بین افراد مختلف دارد. بنابراین، برای یافتن نقاط متناظر برای آن، روش‌هایی لازم است که از تبدیل‌های غیرصلب استفاده می‌کنند. فلوجارت روش پیشنهادی در شکل (۲) نشان داده شده‌است.



شکل (۱)- برخی شکل‌های مختلف کبد در مجموعه‌ی آموزش



شکل (۲)- فلوجارت روش پیشنهادی

۲-۱- پیش پردازش

شکل کبد از تصاویر فاز دوم سی‌تی‌اسکن ۳۰ نفر مرد و زن توسط روش پیشنهادی در بخش‌بندی و ماسک آن تولید شده و توسط نرم‌افزار MATLAB خوانده شد [۳۴]. تصاویر خوانده شده به دلیل ابعاد واکسل‌ها، به صورت پله پله است و

روش نسبت به ICP، غیرصلب بودن تبدیل، غلبه بر داده‌های پرت و نویز و هم‌چنین حل مشکل یک به یک بودن تناظرها از طریق تبدیل تناظر باینری به تناظر فازی^۱ است. کنترل ضریب تناظر فازی و تبدیل آن به ضریب باینری با استفاده از فرآیند سرد شدن معین^۲ [۲۸] انجام می‌شود [۱۴]. از پردازنده-ی گرافیکی جهت سرعت بخشیدن به فرآیند انطباق در TPS-RPM استفاده شده‌است. این روش برای تعداد کم‌تر از ۲۰۰۰ نقطه بهبود قابل توجهی ایجاد نکرده‌است [۲۹].

روش CPD^۳ از مخلوط‌های گوسی جهت پارامتری سازی تبدیل غیرصلب استفاده می‌نماید و مانند روش TPS-RPM از تناظر فازی، فرآیند سرد شدن معین و الگوریتم EM جهت حل مسأله انطباق استفاده می‌کند [۳۰]. برتری عمده‌ی این روش بر TPS-RPM در نوع تبدیل غیرصلب مورد استفاده است که در روش CPD این تبدیل هموارتر است و دقت انطباق بالاتری دارد. به دلیل استفاده از قید انسجام حرکت^۴ در جابه‌جایی نقاط، توپولوژی شکل‌ها در طول فرآیند انطباق حفظ می‌شود [۳۱].

دیویس^۵ از روش MDL^۶ جهت ساخت مدل آماری برای شکل‌های دو بُعدی و سه بُعدی استفاده کرده‌اند که نقاط شاخص در شکل‌ها را به گونه‌ای می‌یابد که فشرده‌ترین مدل آماری به دست آید [۳۲، ۳۳]. درین روش شکل‌ها روی یک کره نگاشته می‌شوند و نقاط روی کره‌ها به گونه‌ای جابه‌جا می‌شوند که بهترین انطباق حاصل شود. این کار از طریق مینیمم سازی یک تابع هزینه صورت می‌گیرد. این روش تاکنون بهترین نتایج را در بین روش‌های ارائه شده جهت ساخت مدل آماری ارائه کرده‌است. ازین روی، درین مقاله به عنوان روش مرجع جهت ارزیابی روش پیشنهادی مورد استفاده قرار گرفت.

درین تحقیق، روش جدیدی برای یافتن نقاط متناظر شکل کبد با استفاده از روش CPD و ساخت مدل آماری ارائه شده است. نوآوری این روش شامل استفاده از تبدیل

¹ Soft assign
² Deterministic Annealing
³ Coherent Point Drift
⁴ Motion coherence constraint
⁵ Davies
⁶ Minimum Description Length

در رابطه‌ی (۱)، v یک تابع سرعت پیوسته برای نقاط مدل است. با به کارگیری تئوری بیز، احتمال پسین مجموعه‌ی Y به صورت رابطه‌ی (۲) و تابع چگالی درست‌نمایی $p(X|Y)$ به صورت رابطه‌ی (۳) تعریف می‌شود.

$$p(Y|X) = \frac{p(X|Y)p(Y)}{p(X)} \quad (۲)$$

$$p(X|Y) = \sum_{m=1}^M p(X|y_m) = \prod_{n=1}^N \sum_{m=1}^M p(x_n|y_m) \quad (۳)$$

$$= \prod_{n=1}^N \sum_{m=1}^M e^{-\frac{1}{2}\left(\frac{x_n - y_m}{\sigma}\right)^2}$$

در رابطه‌ی (۲)، $p(X)$ و $p(Y)$ به ترتیب احتمال پیشین مجموعه‌ی نقاط X و Y است. پارامتر σ در رابطه‌ی (۳)، انحراف معیار هریک از گوسی‌های مخلوط گوسی Y است. برای تحمیل یک قید حرکت هموار، احتمال پیشین مراکز گوسی (Y) به صورت رابطه‌ی (۴) تعریف می‌شود.

$$p(Y) = e^{-\frac{\lambda}{2}\phi(Y)} \quad (۴)$$

در رابطه‌ی (۴)، λ یک ثابت وزن‌دهی است و $\phi(Y)$ حرکت را به گونه‌ای تنظیم می‌کند که هموار باشد. با فرض استقلال خطی و با استفاده از منفی لگاریتم درست‌نمایی^۶، رابطه‌ی (۲) به صورت رابطه‌ی (۵) بازنویسی می‌شود.

$$-\log(p(Y|X)) = -\log(p(X|Y)) - \log(p(Y)) + \log(p(X)) \quad (۵)$$

با جای‌گذاری روابط (۳) و (۴) در (۵) و صرف نظر از مقادیر مستقل از Y ، تابع انرژی رابطه‌ی (۶) به دست می‌آید.

$$E(Y) = -\sum_{n=1}^N \log \sum_{m=1}^M e^{-\frac{1}{2}\left(\frac{x_n - y_m}{\sigma}\right)^2} - \left(-\frac{\lambda}{2}\phi(Y)\right) \quad (۶)$$

مینیمم سازی تابع انرژی رابطه‌ی (۶) به معنی مینیمم شدن فاصله‌ی مجموعه‌ی نقاط کبدهای X و Y و در نتیجه ماکزیمم سازی احتمال پسین رابطه‌ی (۲) است.

هموار نیست. بنابراین، از یک فیلتر میانگین‌گیر مربعی 3×3 جهت هموارسازی استفاده شد. سپس، هریک از کبدها با استفاده از الگوریتم مارچینگ کیوب^۱ مش‌بندی شد [۳۵]. تعداد نقاط هریک از کبدها حدود 240000 نقطه است که برای پردازش‌های بعدی بسیار زیاد است. بنابراین، هر کبد با 1000 نقطه نمونه‌برداری شد.

۲-۲- یافتن نقاط متناظر

جهت یافتن نقاط متناظر از روش CPD استفاده شد. این روش از یک قید انسجام حرکت روی میدان سرعت^۲ استفاده می‌کند و به طور هم‌زمان تبدیل غیرصلب و هم‌چنین تناظر بین نقاط را می‌یابد. برخلاف روش TPS-RPM، این روش هیچ‌گونه فرض اولیه‌ای از نوع تبدیل غیرصلب در نظر نمی‌گیرد و فقط از انسجام حرکت نقاط استفاده می‌کند. انسجام حرکت، یک روش خاص از تحمیل هموار بودن به تابع تبدیل غیرصلب است. مفهوم انسجام حرکت به این معنی است که نقاط نزدیک به هم تمایل دارند به صورت منسجم با یک‌دیگر حرکت کنند. این نکته منجر به حفظ توپولوژی شکل‌ها در طول فرآیند انطباق می‌شود و از تناظرهای اشتباه جلوگیری می‌کند.

در روش CPD، مسأله‌ی انطباق نقاط دو کبد به عنوان مسأله‌ی تخمین چگالی نقاط یک کبد توسط چگالی نقاط کبد دیگر در نظر گرفته می‌شود و این کار از طریق ماکزیمم سازی احتمال پسین، یا به طور معادل از طریق ماکزیمم سازی تابع درست‌نمایی صورت می‌گیرد. بدین منظور، مجموعه‌ی نقاط کبد متحرک^۳ (Y) شامل M نقطه d بعدی به عنوان مراکز یک مخلوط گوسی^۴ یا GMM در نظر گرفته می‌شوند و به مجموعه نقاط کبد مرجع^۵ (X) شامل N نقطه d بعدی منطبق می‌شوند. اگر Y_0 موقعیت اولیه‌ی مراکز گوسی‌ها باشد، موقعیت فعلی آن‌ها به صورت رابطه‌ی (۱) بیان می‌شود.

$$Y = v(Y_0) + Y_0 \quad (۱)$$

^۱ Marching cube

^۲ Velocity field

^۳ Template point set

^۴ Gaussian Mixture Model

^۵ Reference point set

^۶ Minus-log likelihood

میزان هموار بودن فضایی را کنترل نمود. سوم اینکه انتخاب این کرنل موجب تبدیل جمله‌ی دوم رابطه‌ی (۸) به فرم معادله‌ی تئوری انسجام حرکت یا MCT^1 می‌شود [۳۰-۳۱].

جمله‌ی دوم رابطه‌ی (۸) معادل جمع وزن‌دار مربع‌های تمام مرتبه‌های مشتق میدان سرعت است که در رابطه‌ی (۱۰) نشان داده شده‌است. در رابطه‌ی (۱۰)، D اپراتور مشتق است و به صورت روابط (۱۱) و (۱۲) عمل می‌نماید [۳۰].

$$\frac{\lambda}{2} \int \frac{|\tilde{v}(s)|^2}{\tilde{G}} ds \rightarrow \frac{\lambda}{2} \int \sum_{m=1}^{\infty} \frac{\beta^{2m}}{m! 2^m} (D^m v)^2 \quad (10)$$

$$D^{2m} v = \nabla^{2m} v \quad (11)$$

$$D^{2m+1} v = \nabla(\nabla^{2m} v) \quad (12)$$

با جای‌گذاری رابطه‌ی (۱۰) در رابطه‌ی (۸)، تابع انرژی به صورت رابطه‌ی (۱۳) بازنویسی می‌شود [۳۰].

$$E(W) = - \sum_{n=1}^N \log \sum_{m=1}^M e^{-\frac{1}{2} \left(\left\| \frac{x_n - y_{0m} - \sum_{k=1}^M w_k G(y_{0k} - y_{0m})}{\sigma} \right\|^2 \right)} + \frac{\lambda}{2} \text{tr}(W^T G W) \quad (13)$$

در رابطه‌ی (۱۳)، $W_{M \times d}$ ماتریس وزن‌های کرنل گوسی رابطه‌ی (۹) است و $G_{M \times M}$ یک ماتریس متقارن مربعی با المان‌هایی به صورت رابطه‌ی (۱۴) است [۳۰].

$$g_{ij} = e^{-\frac{1}{2} \left\| \frac{y_{0i} - y_{0j}}{\beta} \right\|^2} \quad (14)$$

در رابطه‌ی (۱۴)، هر المان g_{ij} عددی بین صفر و یک است و β تعیین‌کننده‌ی تعداد نقاط همسایه‌ی y_{0i} است که باید به صورت منسجم با این نقطه حرکت کنند.

با استفاده از الگوریتم EM در خوشه‌بندی مخلوط‌های گوسی، می‌توان یک باند بالایی برای رابطه (۱۳) به صورت رابطه (۱۵) به دست آورد [۳۰].

$$Q(W) = \sum_{n=1}^N \sum_{m=1}^M P^{old}(m|x_n) \frac{\|x_n - y_{0m} - G(m, \cdot)W\|^2}{2\sigma^2} + \frac{\lambda}{2} \text{tr}(W^T G W) \quad (15)$$

می‌خواهیم میدان سرعتی که از جابه‌جایی نقاط کبد Y ایجاد می‌شود هموار باشد. یک تابع هموار، انرژی کم‌تری در فرکانس‌های بالا دارد [۳۱]. محتوای فرکانس بالای یک تابع می‌تواند از طریق فیلتر کردن آن با یک فیلتر گوسی بالاگذر و سپس اندازه‌گیری انرژی تابع حاصل به دست آید. این کار با رابطه‌ی (۷) بیان می‌شود [۳۰].

$$\phi(v) = \int \frac{|\tilde{v}(s)|^2}{\tilde{G}} ds \quad (7)$$

در رابطه (۷)، \tilde{v} تبدیل فوریه‌ی میدان سرعت و \tilde{G} یک فیلتر پایین‌گذر متقارن و مثبت معین است که در $\|s\| \rightarrow \infty$ به صفر میل می‌کند. در رابطه (۷)، میدان سرعت به جای عبور دادن از فیلتر بالاگذر، بر فیلتر پایین‌گذر گوسی تقسیم شده است که معادل ضرب در فیلتر بالاگذر گوسی است [۳۰].

مینیمم کردن تابع انرژی رابطه (۶) منجر به مینیمم شدن محتوای فرکانس بالای تابع حرکت شده و در نتیجه موجب هموار شدن حرکت می‌شود. رابطه (۶) به صورت رابطه‌ی (۸) بازنویسی می‌شود [۳۰].

$$E(\tilde{v}) = - \sum_{n=1}^N \log \sum_{m=1}^M e^{-\frac{1}{2} \left(\left\| \frac{x_n - y_m}{\sigma} \right\|^2 \right)} + \frac{\lambda}{2} \int \frac{|\tilde{v}(s)|^2}{\tilde{G}} ds$$

با قرار دادن رابطه (۱) به جای y_m و قرار دادن رابطه‌ی تبدیل فوریه v در رابطه (۸) و مشتق‌گیری از این رابطه نسبت به v ، می‌توان نشان داد تابع سرعتی که تابع انرژی رابطه (۸) را مینیمم می‌کند به صورت رابطه‌ی (۹) است [۳۰].

$$v(z) = \sum_{m=1}^M w_m G(z - y_{0m}) \quad (9)$$

در رابطه (۹)، G یک کرنل مخلوط گوسی است که البته به مخلوط گوسی کبد Y ارتباطی ندارد. دلایل متعددی جهت این انتخاب وجود دارد. نخست اینکه این کرنل خواص لازم برای G یعنی متقارن بودن، مثبت معین بودن و میل به سمت صفر در $\|s\| \rightarrow \infty$ را کامل می‌کند. دوم اینکه یک فیلتر گوسی پایین‌گذر در هردو فرم فضایی و فرکانسی شکل یک-سان و بدون نوسان دارد. در نتیجه با انتخاب پارامترهای مناسب برای این فیلتر، می‌توان بازه‌ی فیلتر کردن فرکانس‌ها و

¹ Motion Coherence Theory

یک مینیمم محلی، به طور تقریبی از هر نقطه‌ی شروعی تضمین شد.

پس از محاسبه‌ی P و W و هم‌گرایی الگوریتم EM، نقاط Y با استفاده از رابطه‌ی (۱۹) به سمت موقعیت‌های جدید حرکت می‌کنند [۳۰].

$$Y = Y_0 + GW \quad (19)$$

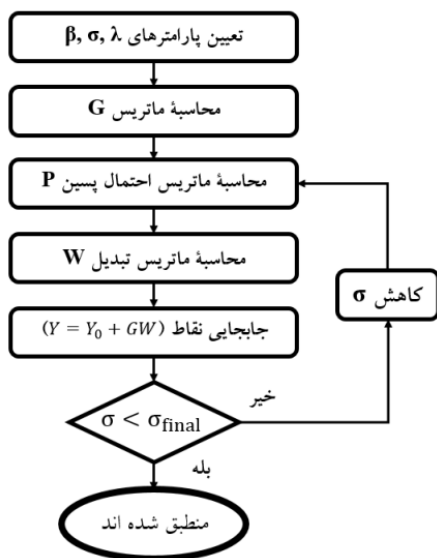
پس از قرارگیری نقاط Y در موقعیت‌های جدید، انحراف معیار گوسی‌های مخلوط گوسی (σ) با استفاده از فرآیند سرد شدن معین و با یک ضریب ثابت طبق رابطه‌ی (۲۰) کوچک شدند و سپس مرحله‌ی EM تکرار شد [۳۰].

$$\sigma_{new} = \sigma_{old} \times r \quad (20)$$

در رابطه‌ی (۲۰)، r نرخ سرد شدن معین^۱ است که عددی در بازه‌ی [۰٫۹۷، ۰٫۹۳] انتخاب شد.

روند کوچک شدن σ در الگوریتم CPD تا جایی ادامه یافت که هر گوسی فقط یکی از نقاط شکل مرجع را در بر گرفت. در نتیجه تناظر یک به یک بین نقاط X و Y برقرار شد.

فلوچارت روش CPD در شکل (۳) نشان داده شده است.



شکل (۳) - فلوچارت روش پیشنهادی

در رابطه (۱۵)، $G(m, \cdot)$ بیان‌گر m امین ردیف از G است و P^{old} ماتریس احتمالات پسین است که با استفاده از موقعیت فعلی نقاط مجموعه‌ی Y نسبت به مجموعه‌ی X به دست آمده است و هر المان آن به صورت رابطه‌ی (۱۶) محاسبه می‌شود [۳۰].

$$p_{mn} = e^{-\frac{1}{2} \left\| \frac{y_m^{old} - x_n}{\sigma} \right\|^2} / \left(\sum_{m=1}^M e^{-\frac{1}{2} \left\| \frac{y_m^{old} - x_n}{\sigma} \right\|^2} \right) \quad (16)$$

در رابطه (۱۶)، y_m^{old} بیان‌گر موقعیت فعلی نقاط Y است. برای غلبه بر نویز و داده‌های پرت، یک توزیع یک‌نواخت به مدل مخلوط اضافه شد. این کار یک جمله به ماتریس احتمال پسین P اضافه می‌کند و هر یک از درایه‌های آن به صورت رابطه (۱۷) تبدیل می‌شود [۳۰].

$$p_{mn} = \frac{e^{-\frac{1}{2} \left\| \frac{y_m^{old} - x_n}{\sigma} \right\|^2}}{\left(\frac{(2\pi\sigma^2)^{\frac{d}{2}}}{\alpha} + \sum_{m=1}^M e^{-\frac{1}{2} \left\| \frac{y_m^{old} - x_n}{\sigma} \right\|^2} \right)} \quad (17)$$

در رابطه‌ی (۱۷)، d بُعد فضا است و α میزان تأثیر توزیع یک‌نواخت را در P تعیین می‌کند.

مینیمم سازی رابطه (۱۵) منجر به کاهش انرژی تابع E در رابطه (۱۳) خواهد شد. پارامترهای رابطه (۱۵) وزن‌های W است. بنابراین، جهت مینیمم کردن Q ، از رابطه (۱۵) نسبت به W مشتق گرفته و برابر صفر قرار داده شد و رابطه (۱۸) به دست آمد [۳۰].

$$\{(diag(P1))G + \lambda\sigma^2 I\}W = PX - diag(P1)Y_0 \quad (18)$$

در رابطه‌ی (۱۸)، P ماتریس احتمالات پسین با درایه‌هایی به صورت رابطه‌ی (۱۷) بوده و نماد $diag(\cdot)$ بیان‌گر ماتریس قطری و I در $P1$ به معنی یک بردار ستونی از یک‌ها است. حل رابطه‌ی (۱۸) برای W ، مرحله‌ی M و محاسبه‌ی ماتریس احتمال پسین با استفاده از رابطه‌ی (۱۷)، مرحله E در الگوریتم EM به حساب می‌آید. هم‌گرایی الگوریتم EM به

¹ Anneal rate

شامل دوران، تغییر مقیاس و انتقال است. بدین منظور، ابتدا هر شکل (در فضای Md بُعدی) از میانگین آن کم کرده و بر انحراف معیار آن تقسیم شد. در نتیجه هر یک از شکل‌ها به مبدأ مختصات منتقل شده و اندازه‌ی آن یک می‌شود. این کار به ترتیب معادل با تبدیلات انتقال و تغییر مقیاس در روش پروکروستس است. پس از اعمال تبدیلات انتقال و تغییر مقیاس روی دو شکل، جهت محاسبه‌ی ماتریس دوران Q که شکل X_1 را روی شکل X_2 منطبق می‌کند، باید رابطه‌ی (۲۲) مینیمم شود.

$$\|X_1^T Q - X_2\| = \text{trace}(X_1 X_1^T - X_2 X_2^T) - 2\text{trace}(X_2 X_1^T Q) \quad (22)$$

مینیمم سازی رابطه‌ی (۲۲) معادل با ماکزیمم سازی جمله‌ی دوم رابطه‌ی (۲۲) است. بدین منظور، از جداسازی مقادیر منفرد یا SVD طبق رابطه‌ی (۲۳) استفاده شد.

$$X_2 X_1^T = USV^T \quad (23)$$

در نتیجه جمله‌ی دوم رابطه‌ی (۲۲) به صورت رابطه‌ی (۲۴) بازنویسی می‌شود.

$$\text{trace}(X_2 X_1^T Q) = \text{trace}(USV^T Q) = \text{trace}(SV^T QU) \quad (24)$$

در رابطه‌ی (۲۴)، همه‌ی المان‌های ماتریس S مثبت هستند. در نتیجه، رابطه‌ی (۲۴) وقتی ماکزیمم می‌شود که $V^T QU$ برابر ماتریس واحد باشد. بنابراین ماتریس Q که شکل X_1 را روی شکل X_2 منطبق می‌کند به صورت رابطه‌ی (۲۵) است.

$$V^T QU = I \rightarrow Q = VU^T \quad (25)$$

جهت محاسبه‌ی شکل میانگین، ابتدا یکی از شکل‌های مجموعه‌ی آموزش را به صورت تصادفی به عنوان شکل مرجع انتخاب نموده و مابقی روی آن منطبق شد. سپس، با استفاده از رابطه‌ی (۲۶) میانگین شکل‌ها را به دست آورده و این بار همگی روی شکل میانگین منطبق شد. این روند تا هم‌گرایی ادامه می‌یابد. هم‌گرایی به معنی عدم تغییر در شکل میانگین است [۲].

$$\bar{X} = \frac{1}{s} \sum_{i=1}^s X_i \quad (26)$$

۲-۳- ساخت مدل شکل آماری (SSM)

جهت ساخت مدل شکل آماری نیازمند یک مجموعه‌ی آموزشی از آن شکل هستیم که هر یک با M نقطه‌ی شاخص مشخص شده‌اند. اولین قدم در ساخت مدل، یافتن تناظر بین این نقاط می‌باشد. سپس هر یک از این شکل‌های $M \times d$ (بعد شکل است) را به صورت یک بردار طبق رابطه‌ی (۲۱) تبدیل می‌کنیم.

(۲۱)

$$\begin{bmatrix} x_1 & y_1 & z_1 \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ x_M & y_M & z_M \end{bmatrix} \rightarrow X = (x_1, y_1, z_1, \dots, x_M, y_M, z_M)^T$$

در نتیجه هر یک از شکل‌ها در فضای Md بُعدی یک نقطه خواهد بود. ناحیه‌ای که شکل‌های مجموعه‌ی آموزش در فضای Md بُعدی اشغال می‌کنند محدوده‌ی قابل قبول شکل^۱ یا ASD نامیده می‌شود. هر شکلی که در این محدوده قرار بگیرد یک شکل معتبر خواهد بود. شکل‌ها در این فضا، آبری از نقاط را تشکیل می‌دهند که جهت سادگی تحلیل، این آبر، بیضوی فرض می‌شود. در نتیجه مرکز این آبر بیضوی، شکل میانگین و محورهای آن، راستای پراکندگی شکل‌ها نسبت به شکل میانگین خواهد بود [۲].

پس از تبدیل هر یک از شکل‌ها به یک بردار در فضای Md بُعدی (با استفاده از رابطه‌ی (۲۱))، همه‌ی شکل‌ها را در این فضا نرمالیزه می‌کنیم بطوری که $|X| = 1$ باشد. بدین منظور، هر یک از شکل‌ها (بردارها در فضای Md بُعدی) را بر نرم^۲ آن تقسیم شد. این کار منجر به حذف تفاوت‌های کلی بین کدهای مجموعه‌ی آموزش می‌شود. این تفاوت‌ها که شامل دوران، تغییر مقیاس و انتقال است می‌تواند ناشی از نحوه‌ی تصویربرداری از کدها باشد و نباید در محاسبه‌ی مدل آماری کبد وارد شوند زیرا جزء تفاوت‌های بین کدها محسوب نمی‌شوند. سپس، با استفاده از تحلیل پروکروستس تعمیم یافته^۳ [۳۶] شکل‌های نرمالیزه شده روی یک‌دیگر منطبق شد. روش پروکروستس یک روش انطباق صلب است که با دانستن تناظر بین نقاط دو شکل، برهم منطبق شد. این انطباق

¹ Allowable Shape Domain

² Norm

³ Generalized Procrustes Analysis

فشرده‌بودن^۱، اختصاصی‌بودن^۲ و قابلیت تعمیم^۳ مقایسه شده است. همچنین سرعت اجرای الگوریتم‌ها به‌عنوان یک فاکتور مهم در ساخت مدل آماری، مورد بررسی قرار گرفته‌است.

کدهای روش TPS-RPM از منبع [۴۰] برداشت شده و برای گرفتن داده‌های سه بعدی کبد تصحیح شده‌است. کدهای روش CPD از منبع [۴۱] برداشت شده و پارامترهای آن بهینه‌سازی شده و برای داده‌های سه بعدی تغییر داده شدند. در پیاده‌سازی روش‌های ICP و MDL از کتابخانه‌ای که در اختیار بود استفاده شد. سایر کدها توسط نویسندگان این مقاله پیاده‌سازی شد.

کلیه‌ی روش‌های یاد شده و پردازش‌های انجام شده درین تحقیق، توسط یک رایانه‌ی شخصی با سیستم عامل Windows 8.1، پردازنده‌ی چهار هسته‌ای AMD fx-4100 با فرکانس کاری 3.6 GHz، حافظه‌ی دینامیک 8GB و در محیط نرم‌افزار MATLAB 2014a پیاده‌سازی شد.

۴-۲- انتخاب پارامترهای روش پیشنهادی

انتخاب صحیح پارامترهای روش CPD تأثیر به‌سزایی در سرعت و عملکرد آن دارد. در تابع انرژی روش CPD سه پارامتر μ ، σ و β حضور دارند. پارامتر σ ، شعاع کانتور گوسی‌های مخلوط گوسی را تعیین می‌نماید و در واقع روند رسیدن از تناظر فازی به باینری را کنترل می‌کند. مقدار اولیه‌ی این پارامتر باید به گونه‌ای انتخاب شود که کانتور هریک از گوسی‌ها تمام نقاط شکل مرجع و یا حداقل تعداد زیادی از آن‌ها را در بر بگیرد. در نتیجه، در ابتدای فرآیند انطباق، اکثر نقاط مجموعه‌ی متحرک و مرجع می‌توانند با یکدیگر متناظر باشند. در طول فرآیند انطباق، این پارامتر با استفاده از ضریب سرد شدن معین کاهش می‌یابد، به گونه‌ای که در انتهای فرآیند انطباق، کانتور هر گوسی فقط یکی از نقاط مجموعه‌ی مرجع را در بر بگیرد. در روش CPD قبل از شروع فرآیند انطباق، هردو مجموعه‌ی مرجع و متحرک نرمالیزه می‌شوند. در نتیجه، مقدار اولیه‌ی پارامتر σ برابر ۱ در نظر گرفته شد. هم‌چنین ضریب سرد شدن معین برابر ۰/۹۵ در نظر گرفته شد

در رابطه‌ی (۲۶)، s تعداد اعضای مجموعه آموزش است. ماتریس کوواریانس متناظر با شکل‌های مجموعه آموزش، از رابطه (۲۷) به دست می‌آید [۲].

$$S = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^s (x_i - \bar{x})(x_i - \bar{x})^T \quad (27)$$

ماتریس کوواریانس S به دست آمده از رابطه (۲۷) دارای ابعاد $Md \times Md$ است. بردارهای ویژه ماتریس کوواریانس S ، محورهای این ابر بیضوی است. اگر مقادیر ویژه ماتریس کوواریانس را به دست آورده و به صورت نزولی مرتب کنیم، همه اعضای مجموعه آموزش و هر شکل معتبر جدید با استفاده از مجموع شکل میانگین و c بردار ویژه اول و توسط رابطه (۲۸) قابل بازسازی است [۲].

$$X \approx \bar{X} + \Psi b \quad (28)$$

در رابطه‌ی (۲۸)، Ψ ماتریس بردارهای ویژه متناظر با c مدل اول بوده و b بردار پارامترها است.

۴- نتایج و بحث و بررسی

۴-۱- داده‌ها

درین مقاله، از ۳۰ تصویر سی‌تی اسکن فاز دوم کبد انسان استفاده شد. هریک از تصاویر دارای اندازه $159 \times 152 \times 512$ و ابعاد پیکسل $1/25 \times 1/25 \times 0/625$ میلی‌متر است که با فرمت ذخیره‌سازی DICOM با عمق ۱۲ بیت بر پیکسل ذخیره شد. این تصاویر، مربوط به ۱۶ مرد و ۱۴ زن سالم و بیمار با بازه سنی ۲۰ تا ۷۵ سال است که توسط بیمارستان دانشگاه ازاکا ژاپن ثبت شده‌است. کبدهای بیمار حاوی تومورهایی بودند که در داخل بافت کبد قرار داشتند و بر روی شکل ظاهری آنها تأثیرگذار نبودند. هریک از کبدها با ۱۰۰۰ نقطه‌ی سه بعدی نمونه برداری شد.

از هریک از الگوریتم‌های ICP، TPS-RPM و CPD جهت یافتن نقاط متناظر و ساخت مدل شکل آماری استفاده شده است و با مدل ساخته شده با روش MDL توسط سه معیار

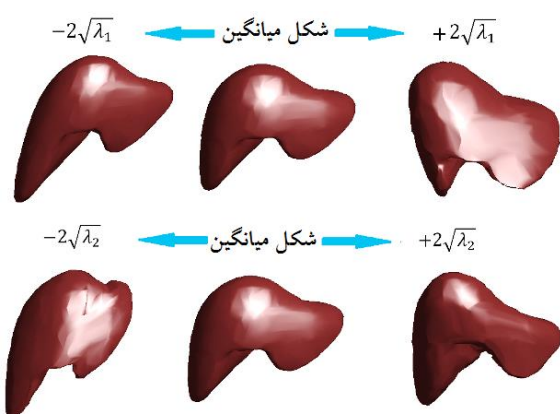
¹ Compactness

² Specificity

³ Generalization ability

گونه‌ای انتخاب می‌شود که C مقداری در بازه $[0/90, 0/98]$ داشته باشد. هرچه k کوچکتر باشد مدل فشرده‌تر است و به این معنی است که تعداد مدهای مورد نیاز جهت بازسازی هریک از اعضای مجموعه آموزش و یا یک شکل معتبر جدید کمتر است. k حداکثر می‌تواند $\min(Md, s - 1)$ باشد [۱۴]. در این بررسی، مقدار $0/98$ برای C در نظر گرفته شده است که سخت‌گیرانه‌ترین حالت محسوب می‌شود.

تعداد مدها بیانگر تعداد پارامترهای مورد نیاز در رابطه (۲۸) جهت بازسازی هریک از شکل‌های مجموعه آموزش با کم‌ترین خطاست. هر درایه از بردار پارامتر b_k در رابطه (۲۸) فقط می‌تواند در بازه $[-3\sqrt{\lambda_k}, +3\sqrt{\lambda_k}]$ تغییر کند تا از تولید شکل‌های نامعتبر جلوگیری شود. پارامتر b_k بیانگر میزان تغییرات شکل میانگین در راستای بردار ویژه p_k می‌باشد. در شکل (۴) اثر تغییر دو مؤلفه اول بردار پارامتر b در بازه $[-2\sqrt{\lambda_k}, +2\sqrt{\lambda_k}]$ برای مدل ساخته شده توسط روش پیشنهادی، نشان داده شده‌است.



شکل (۴) - اثر تغییرات دو درایه اول بردار پارامتر b برای مدل

ساخته شده توسط روش CPD

معیار فشردگی برای روش‌های ICP، TPS-RPM و MDL به همراه روش پیشنهادی در جدول (۲) آورده شده است. همانطور که مشاهده می‌شود روش MDL با ۱۶ مد بهترین عملکرد را دارد و روش پیشنهادی با ۱۸ مد در رتبه دوم قرار دارد و از سایر روش‌ها فشرده‌تر است.

جدول (۲) - بررسی میزان فشردگی بودن بر حسب تعداد مدها

روش	ICP	TPS-RPM	CPD	MDL
تعداد مدها	۲۵	۱۹	۱۸	۱۶

که باعث می‌شود فرآیند کاهش σ به حد کافی کند باشد تا مقاوم^۱ بودن انطباق حفظ شود.

پارامتر β در رابطه (۱۴)، تعداد نقاط همسایه در شکل متحرک که مقید به حرکت منسجم با یکدیگر هستند را تعیین می‌نماید. مقادیر کوچک این پارامتر موجب عدم حفظ توپولوژی شکل در طول فرآیند انطباق می‌شود. همچنین مقادیر بزرگ آن منجر به تبدیل صلب انتقال می‌شود. زیرا در این حالت تمام نقاط شکل متحرک با ضریب بزرگی مقید شده‌اند که با یکدیگر حرکت کنند. مقدار این پارامتر باید به گونه‌ای تعیین شود که دورترین نقاط در مجموعه متحرک کم‌ترین اثر را روی یکدیگر داشته باشند، اما این اثر نباید صفر باشد. از آنجا که در روش CPD از شکل‌های نرمالیزه شده، جهت انطباق نقاط استفاده می‌شود، بیش‌ترین فاصله بین نقاط شکل متحرک درین حالت تقریباً برابر ۲ است. در نتیجه، مقدار ۲ برای این پارامتر در نظر گرفته شد.

پارامتر λ تعیین کننده سهم تابع تبدیل در تابع انرژی روش CPD است. از آنجا که مقادیر W و G کوچکتر از یک است، جهت حفظ مصالحه بین دو جمله تابع انرژی، مقدار ۲ برای این پارامتر انتخاب شده است که با توجه به ارزیابی‌های کیفی و بررسی نتایج انطباق شکل‌ها، مناسب است. جدول (۱) پارامترهای انتخاب شده برای روش CPD را نشان می‌دهد.

جدول (۱) - پارامترهای انتخاب شده برای روش CPD

پارامتر	β	λ	ضریب سرد شدن	σ
مقدار	۲	۲	۰/۹۵	۱

۴-۳- معیار فشرده بودن

میزان فشرده بودن یک مدل با رابطه (۲۹) محاسبه می‌شود.

$$C = \frac{\sum_{i=1}^t \lambda_i}{\sum_{i=1}^{s-1} \lambda_i} \quad (29)$$

در رابطه (۲۹)، s تعداد اعضای مجموعه آموزش و λ_m مقادیر ویژه ماتریس کوواریانس رابطه (۲۷) می‌باشد که به صورت نزولی $(\lambda_1 \geq \lambda_2 \dots \geq \lambda_{s-1})$ مرتب شده‌اند و k به

^۱ Robust

است که هرچه این عدد کوچک‌تر باشد قابلیت تعمیم مدل بیش‌تر است. رابطه‌ی (۳۰) نحوه‌ی محاسبه‌ی این معیار را نشان می‌دهد.

$$G(k) = \frac{1}{s-1} \sum_{i=1}^{s-1} \|X_i - \bar{X}_i\| \quad (30)$$

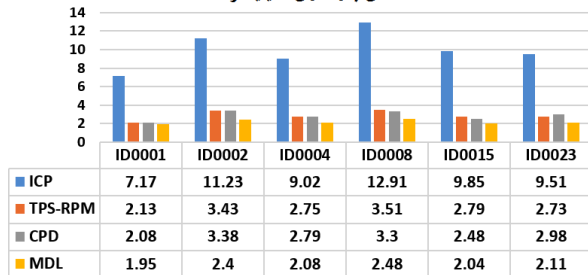
در رابطه‌ی (۳۰)، k تعداد مُدها، s تعداد اعضای مجموعه آموزش، X_i عضو کنار گذاشته شده و \bar{X}_i بازسازی شده آن توسط مدل است. هرچه مقدار G کوچک‌تر باشد بهتر است. نتایج حاصل از بررسی این معیار در مدل‌های ساخته شده از روش‌های مختلف بر حسب تعداد مُدها در جدول (۳) آورده شده‌است.

جدول (۳) - بررسی معیار قابلیت تعمیم بر حسب تعداد مُدها

روش	ICP	TPS-RPM	CPD	MDL
تعداد مُدها	۲۵	۱۹	۱۸	۱۶
قابلیت تعمیم (میلیمتر)	۹/۱±۲/۱	۳/۷۸±۰/۹۶	۳/۶۴±۰/۸۵	۲/۶۴±۰/۶۵

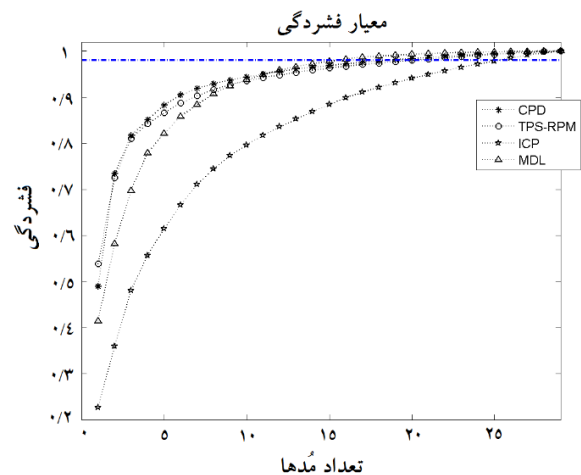
همانطور که در جدول (۳) مشاهده می‌شود، روش MDL با مقدار میانگین ۲/۶۴±۰/۶۵ میلیمتر کمترین میانگین خطای بازسازی را دارد و بعد از آن روش‌های CPD، TPS-RPM و ICP به ترتیب با مقادیر ۳/۷۸±۰/۹۶، ۳/۶۴±۰/۸۵ و ۹/۱±۲/۱ میلیمتر قرار دارند. در شکل (۶)، خطای بازسازی ۶ داده تصادفی از مجموعه آموزش برای روش‌های مورد بررسی آورده شده است.

خطای بازسازی (میلیمتر)



شکل (۶) - خطای بازسازی ۶ داده‌ی تصادفی از مجموعه‌ی آموزش با استفاده از روش‌های مورد بررسی

در شکل (۵) نمودار فشردگی بر حسب تعداد مُدها برای روش‌های مورد بررسی رسم شد. همان‌طور که دیده می‌شود، روش MDL سریع‌تر از سایر روش‌ها از خط معیار ۰/۹۸ عبور می‌کند و در نتیجه فشرده‌ترین مدل را نسبت به سایر روش‌ها دارد. دو روش CPD و TPS-RPM نمودارهای شبیه به هم دارند و سه مُد اول آن‌ها با هم برابر است. اما از مُد چهارم به بعد، مُدهای روش CPD از مُدهای روش TPS-RPM بزرگ‌تر است و سری‌عتر از روش TPS-RPM به خط ۰/۹۸ می‌رسد و در نتیجه از روش TPS-RPM فشرده‌تر است. روش ICP با معیار فشردگی ۲۵ پائین‌ترین عملکرد را در بین روش‌های مورد بررسی ارائه می‌کند که با توجه به استفاده از تبدیل صلب و عدم توانایی در یافتن صحیح تناظرها، قابل توجیه است.



شکل (۵) - نمودار میزان فشردگی بر حسب تعداد مُدها

۴-۴- معیار قابلیت تعمیم

قابلیت تعمیم یک مدل آماری به معنی توانایی آن مدل در توصیف شکل معتبری است که در مجموعه‌ی آموزش حضور نداشته است. جهت محاسبه‌ی این معیار از متد Leave-One-Out استفاده می‌شود. برای این منظور، هریک از شکل‌های مجموعه‌ی آموزش کنار گذاشته می‌شود و با شکل‌های باقی مانده، یک مدل آماری ساخته می‌شود. سپس با استفاده از این مدل و k مُد به دست آمده، شکل کنار گذاشته شده بازسازی می‌شود. این فرآیند برای همه‌ی شکل‌های مجموعه‌ی آموزش تکرار می‌شود. میانگین خطای بازسازی شکل‌های مجموعه‌ی آموزش بیان‌گر قابلیت تعمیم یک مدل

۴-۵- معیار اختصاصی بودن

مدلی اختصاصی است که فقط شکل‌های معتبر را توصیف نماید. به بیان دیگر، شکل‌های جدیدی که توسط مدل تولید می‌شود باید شبیه اعضای مجموعه آموزش باشند. به منظور محاسبه میزان اختصاصی بودن یک مدل، تعداد M شکل جدید توسط M بردار پارامتر تصادفی b مقید شده در بازه $[-3\sqrt{\lambda_k}, +3\sqrt{\lambda_k}]$ و k مد تغییر توسط رابطه (۲۸) ساخته می‌شود. برای هر شکل جدید، فاصله نزدیک‌ترین همسایه آن در مجموعه آموزش محاسبه می‌شود. این کار برای همه شکل‌های جدید انجام می‌شود و میانگین این فواصل، میزان اختصاصی بودن مدل را نشان می‌دهد. این معیار از طریق رابطه (۳۱) محاسبه می‌شود. هرچه این عدد کوچکتر باشد مدل اختصاصی‌تر خواهد بود.

$$S(m) = \frac{1}{S} \sum_{A=1}^S \min_i \|Y_A - X_i\| \quad (31)$$

در رابطه (۳۱)، Y_A بیان‌گر یک شکل جدید و X_i بیان‌گر یکی از شکل‌های مجموعه آموزش است. درین مقاله، تعداد ۱۰۰۰ شکل تصادفی توسط رابطه (۲۸) جهت بررسی این معیار تولید شد. نتایج حاصل از بررسی این معیار برای مدل‌های ساخته شده از روش‌های مختلف بر حسب تعداد مدها در جدول (۴) آورده شده است. همان طور که در جدول (۴) مشاهده می‌شود، معیار اختصاصی بودن هر سه روش CPD، TPS-RPM و MDL تقریباً با هم برابر است. روش ICP به دلیل عدم توانایی در یافتن صحیح تناظرها و ایجاد مدهای اشتباه، پایین‌ترین جواب‌ها را نسبت به روش‌های دیگر دارد.

جدول (۴) - بررسی معیار اختصاصی بودن مدل‌ها

روش	ICP	TPS-RPM	CPD	MDL
تعداد مدها	۲۵	۱۹	۱۸	۱۶
اختصاصی بودن	۰/۴۰±۰/۰۷	۰/۲۱±۰/۰۶	۰/۲۱±۰/۰۶	۰/۲۱±۰/۰۶

۴-۶- سرعت اجرا

زمان ساخت یک مدل آماری یک فاکتور مهم در مقایسه مدل‌های آماری محسوب می‌شود. سرعت یافتن نقاط متناظر بیشترین سهم را در سرعت ساخت مدل آماری دارد. در جدول (۵) سرعت یافتن نقاط متناظر توسط روش‌های مورد بررسی آورده شده است. روش ICP با زمان متوسط ۳۰ ثانیه سریعترین روش در بین سایر روش‌هاست. اما این روش، از انطباق صلب استفاده می‌کند و نتایج قابل قبولی ارائه نمی‌دهد. روش CPD با زمان متوسط ۶۸ ثانیه بهترین نتیجه را نسبت به روش‌های TPS-RPM و MDL ارائه می‌کند.

جدول (۵) - سرعت یافتن نقاط متناظر توسط روش‌های مختلف

روش	ICP	TPS-RPM	CPD	MDL
زمان اجرا (ثانیه)	۳۰	۳۹۰	۶۸	۳۶۰۰

۴-۷- مقایسه‌ی روش‌ها

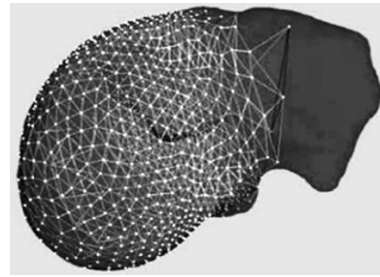
همان طور که از بررسی نتایج معیارها بر می‌آید، روش CPD و TPS-RPM عملکردی نزدیک به هم دارند. زیرا، هر دو روش از مخلوط‌های گوسی و الگوریتم سرد شدن معین جهت یافتن نقاط متناظر استفاده می‌نمایند و تفاوت عمده‌ی آن‌ها در نوع تابع تبدیل غیرصلب مورد استفاده است. اما برخلاف روش TPS-RPM، در روش CPD به دلیل استفاده از قید انسجام حرکت، توپولوژی شکل متحرک در طول فرآیند انطباق حفظ می‌شود. در نتیجه حساسیت به پارامترها در روش پیشنهادی از روش TPS-RPM کم‌تر و حرکت نقاط هموارتر است.

در روش MDL، نقاط هریک از کبدها روی یک کره نگاشت داده می‌شوند و نقاط، روی کره‌ها به گونه‌ای جابه‌جا می‌شوند که فشرده‌ترین مدل به دست آید. سپس، نقاط به فضای واقعی باز گردانده می‌شوند. اما پس از بازگشت نقاط به فضای واقعی، تمام توپولوژی شکل کبد با نقاط شاخص پوشش داده نمی‌شود. در نتیجه برخی مدها ممکن است دیده نشوند. در شکل (۷) یک نمونه کبد پس از اعمال الگوریتم MDL روی آن، نشان داده شده است.

فشرده‌گی شود. هم‌چنین استفاده از خواص بیولوژیکی در یافتن نقاط شاخص در کیفیت مدل ساخته شده تأثیر قابل توجهی خواهد داشت.

۶- مراجع‌ها

- [1] T. Heimann, M. Hans-Peter, "Statistical shape models for 3D medical image segmentation: A review" *Medical image analysis* 13 (4): 543-56, 2009.
- [2] T. F. Cootes, C. J. Taylor, D. H. Cooper, J. Graham, "Active shape models-their training and application" *Computer vision and image understanding* 61 (1): 38-59, 1995.
- [3] S. I. Buchaillard, S. H. Ong, Y. Payan, K. Foong, "3D statistical models for tooth surface reconstruction" *Original Research Article Computers in Biology and Medicine* 37 (10): 1461-1471, 2007.
- [4] A. Pepe, L. Zhao, J. Koikkalainen, J. Hietala, U. Ruotsalainen, J. Tohka, "Automatic statistical shape analysis of cerebral asymmetry in 3D T1-weighted magnetic resonance images at vertex-level: Application to neuroleptic-naïve schizophrenia" *Magnetic Resonance Imaging* 31 (5): 676-687, 2013.
- [5] M. Koch, S. Bauer, J. Hornegger, N. Strobel, "Towards Deformable Shape Modeling of the Left Atrium Using Non-Rigid Coherent Point Drift Registration" *Bildverarbeitung für die Medizin* 332-337, 2013.
- [6] S. F. Roohi, R. A. Zoroofi, "4D statistical shape modeling of the left ventricle in cardiac MR images; Int. J. Comput. Assist" *Radiol Surg* 8 (3): 335-351, 2013.
- [7] A. Suinesiaputra, A. F. Frangi, T. Kaandorp, H. J. Lamb, "Automated Detection of Regional Wall Motion Abnormalities Based on a Statistical Model Applied to Multislice Short-Axis Cardiac MR Images; IEEE Trans" *On Medical Imaging* 28 (4): 595-607, 2009.
- [8] T. Okada, M. Linguraru, Y. Yoshida, M. Hori, R. M. Summers, Y. W. Chen, N. Tomiyama, Y. Sato, "Abdominal multi-organ segmentation of CT images based on hierarchical spatial modeling of organ interrelations" *Abdominal imaging, computational and clinical applications* 7029: 173-180, 2012.
- [9] H. Hufnagel, X. Pennec, J. Ehrhardt, N. Ayache, H. Handels, "Computation of a probabilistic statistical shape model in a maximum-a-posteriori framework Methods" *Inf Med* 48 (4): 314-319, 2009.
- [10] H. Yipeng, "A comparison of the accuracy of statistical models of prostate motion trained using data from biomechanical simulations" *Progress in Biophysics and Molecular Biology* 103: 262-272, 2010.



شکل (۷) - یک نمونه حجم کبد مش‌بندی شده پس از اعمال

الگوریتم MDL [۳۸]

تلاش‌هایی جهت حل این مشکل صورت گرفته که تا حدودی برطرف شده‌است [۳۷، ۳۸]. اما مشکلاتی مانند عدم تضمین هم‌گرایی و هزینه‌ی محاسباتی آن کماکان حل نشده باقی مانده‌است. اما در روش پیشنهادی تمام سطح کبدها با نقاط شاخص پوشش داده می‌شوند. در نتیجه، تمام تفاوت‌های کبدها در ساخت مدل آماری در نظر گرفته می‌شود. روش ICP نیز به دلیل استفاده از تبدیل صلب، جواب‌های قابل قبولی برای بافت غیرصلب کبد ارائه نمی‌کند.

۵- جمع‌بندی

درین مقاله، روشی برای ساخت مدل شکل آماری پیشنهاد شد که در ابتدا با کمک روش CPD نقاط متناظر به دست می‌آید. سپس، مدل شکل آماری ایجاد شد و از سه معیار میزان فشرده‌گی، اختصاصی بودن و قابلیت تعمیم جهت مقایسه‌ی مدل‌ها استفاده شد. نتایج نشان می‌دهد که روش پیشنهادی از نظر اختصاصی بودن مانند روش MDL عمل می‌کند و از نظر معیار فشرده‌گی و قابلیت تعمیم به جز نسبت به روش MDL، از سایر روش‌ها نتایج بهتری ارائه می‌نماید. هم‌چنین روش پیشنهادی بیش‌ترین سرعت نسبت به عملکرد را در بین سایر روش‌ها دارد. اما مدل ساخته شده از هر چهار روش، نسبت به مدل‌های ساخته شده از روش‌های دیگر که در مقاله‌ی قبلی [۳۹] بررسی شده‌است عملکرد بهتری دارند.

در آینده قصد داریم از روش‌های کلاس‌بندی به عنوان پیش‌پردازش مجموعه‌ی آموزش استفاده نماییم تا علاوه بر ملاحظه‌ی تفاوت‌های محلی کبدها، شباهت‌های کلی نیز در بین آن‌ها در نظر گرفته شود که می‌تواند موجب بهبود معیار

- [25] S. Du, N. Zheng, G. Meng, Z. Yuan, "Affine Registration of Point Sets Using ICP and ICA" *IEEE Signal Processing Letters* 15: 689-692, 2008.
- [26] F. L. Bookstein, "Principal warps: Thin-plate splines and the decomposition of deformations" *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell* 11 (6): 567-585, 1989.
- [27] T. K. Moon, "The expectation-maximization algorithm" *IEEE Signal Processing Magazine* 13 (6): 47-60, 1996.
- [28] T. Hofmann, J. M. Buhmann, "Pairwise data clustering by deterministic annealing" *IEEE Trans Patt Anal Mach Intell* 19 (1): 1-14, 1997.
- [29] C. Mourning, et al. "GPU Acceleration of Robust Point Matching" *Advances in Visual Computing Lecture Notes in Computer Science* 6455: 417-426, 2010.
- [30] A. Myronenko, X. Song, "Point Set Registration: Coherent Point Drift" *TPAMI* 32 (12): 2262-2275, 2010.
- [31] A. L. Yuille, N. M. Grzywacz, "The motion coherence theory" *Int J Computer Vision* 3: 344-353, 1988.
- [32] R. Davies, et al. "Building optimal 2D statistical shape models" *Image ans. vision computing* 21: 1171-1182, 2003.
- [33] R. Davies, C. J. Twining, T. F. Cootes, J. C. Waterton, C. J. Taylor, "A minimum description length approach to statistical shape modeling" *IEEE Transactions on Medical Imaging* 21 (5): 525-537, 2002.
- [34] A. H. Foruzan, et al. "Segmentation of Liver in Low-Contrast Images Using K-Means Clustering and Geodesic Active Contour Algorithms" *IEICE TRANSACTIONS on Information and Systems* E96-D (4): 798-807, 2013.
- [35] W. E. Lorensen, H. E. Cline, "Marching Cubes: A high resolution 3D surface construction algorithm" *Computer Graphics* 21 (4): 163-169, 1987.
- [36] J. C. Gower, "Generalized procrustes analysis" *Psychometrika* 40 (1): 33-51, 1975.
- [37] T. Heimann, et al. "Optimal landmark distributions for statistical shape model construction" *Proc. SPIE Medical Imaging: Image Processing* 6144: 518-528, 2006.
- [38] R. XU, et al. "Improvement of MDL method by adaptive sampling on spherical parameter space" *IEICE* 111 (389): 173-178, 2012.
- [39] H. A. Foruzan, Y. W. Chen, M. Hori, Y. Sato, N. Tomiyama, "Capturing large shape variations of liver using population-based statistical shape models" *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery* 9 (6): 967-977, 2014.
- [40] Available at: <http://www.cis.ufl.edu/~anand/Students/chui/research.html>.
- [41] Available at: <http://code.google.com/p/gmmreg>.
- [11] N. Baka, B. L. Kaptein, M. Bruijne, T. Walsum, J. E. Giphart, W. J. Niessen, B. P. F. Lelieveldt, "2D-3D shape reconstruction of the distal femur from stereo X-ray imaging using statistical shape models" *Medical Image Analysis* 15 (6): 840-850, 2011.
- [12] M. Becker, M. Kirschner, S. Fuhrmann, S. Wesarg, "Automatic construction of statistical shape models for vertebrae" *Med. Image Comput. Assist Interv* 14 (2): 500-507, 2011.
- [13] H. Davies Rhodri, "Learning shape: optimal models for analysing shape variability" PhD diss, PhD thesis, *University of Manchester*, 2002.
- [14] H. Chui, A. Rangarajan, "A new point matching algorithm for non-rigid registration" *Computer Vision and Image Understanding* 89 (2-3): 114-141, 2003.
- [15] A. Sotiras, C. Davatzikos, N. Paragios, "Deformable Medical Image Registration: A Survey" *IEEE Transaction on Medical Imaging* 32 (7): 1153-1190, 2013.
- [16] F. Maes, D. Vandermeulen, A. Suetens, "Medical Image Registration Using Mutual Information" *Proceedings of the IEEE* 91 (10): 1699-1722, 2003.
- [17] L. S. Hibbard, R. A. Hawkins, "Objective image alignment for three dimensional reconstruction of digital autoradiograms" *Journal of neuroscience methods* 26: 55-74, 1988.
- [18] D. H. Ballard, "Generalizing the Hough transform to detect arbitrary shapes" *Pattern recognition* 13: 111-122, 1981.
- [19] H. Baird, "Model-based image matching using location" *MIT Press, Cambridge*, 1984.
- [20] D. P. Huttenlocher, G. A. Klanderman, W.J. Rucklidge, "Comparing images using the Hausdorff distance" *IEEE Trans Patt Anal Mach Intell* 15 (9): 850-863, 1993.
- [21] D. Cross, E. R. Hancock, "Graph matching with a dual-step EM algorithm" *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 20: 1236-1253, 1998.
- [22] M. Koch, S. Bauer, J. Hornegger, N. Strobel, "Towards Deformable Shape Modeling of the Left Atrium Using Non-Rigid Coherent Point Drift Registration" *Bildverarbeitung für die Medizin* 332-337, 2013.
- [23] G. Niculescu, D. Forand, J. Noshier, "Non-rigid registration of the liver in consecutive CT studies for assessment of tumor response to radiofrequency ablation" *29th Annual International Conference of the IEEE in Engineering in Medicine and Biology Society* 856-859, 2007.
- [24] J. Hermans, D. Smeets, D. Vandermeulen, P. Suetens, "Robust point set registration using EM-ICP with information-theoretically optimal outlier handling" *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* 2465-2472, 2011.