

Image Registration



Image Registration

두 영상이 있습니다 - 여러개여도 상관 없습니다. 어떤 이유에서든지 두 영상을 겹쳐 보거나 깜박이며 비교해 보아야 하는 경우가 있습니다. 10년 전에 촬영한 위성 영상과 최근에 촬영한 위성 영상을 비교해 보고자 할 때, CT로 촬영한 환자의 사진과 MRI로 촬영한 환자의 사진을 겹쳐 보고자 할 때와 같이 이런 일은 많습니다. 같은 장비로 같은 각도에서 같은 배율로 촬영한 것이라면 영상이 거의 일치하거나 조금 회전하고 이동하는 것으로 맞출 수 있겠지요(같은 천체 망원경과 같은 카메라로 동일한 천체를 촬영한 영상들이 이런 경우입니다). 하지만 다른 위성으로부터 얻은 두 영상, 촬영 각도가 다른 두 사진, 다른 종류의 장비인 CT와 MRI 영상의 일치를 위해서는 기준 영상(좌표)를 정하고 비교 영상을 기준 좌표계에 맞게 변형(Warping) 하여야 합니다. IDL에서 이런 일을 어떻게 할까요?

개략적인 작업 순서

1. **기준 설정** : 기준이 될 영상을 지정
2. **Control Point 선정** : 비교 영상과 기준 영상에서 동일 위치로 추정되는 점들을 선정합니다. 이 점들을 Control Point라고 합니다.
3. **영상 변환** : 여러 개의 Control Points로부터 $(X_o, Y_o) = f(X_i, Y_i)$ 인 변환식을 생성할 수 있습니다. 변환 관계식을 이용하여 입력 영상을 변환합니다.
4. **Display** : 변환된 영상과 기준 영상을 연구 목적에 맞게 디스플레이합니다.

예제 소개

- IDL/examples/data/ctbone157.jpg (기준 영상)
 - IDL/examples/data/pdthorax124.jpg (변환 대상)
- 두 파일은 각각 CT 영상과 MRI 양전자 밀도 스캔 영상으로 사람의 흉부 사진입니다. 장비 자체가 다르므로 두 영상은 바로 포개어 볼 수가 없습니다. 이 예제에서는 MRI 영상을 CT 영상에 맞추어 변환한 뒤, 두 영상을 겹쳐 놓고 관찰할 계획입니다.

영상 읽기

```
device, decomposed=0
loadct, 0
mrifile=filepath('pdthorax124.jpg', subdir=['examples', 'data'])
read_jpeg, mrifile, mri_img
window, 0, xsize=256, ysize=256
tvsc, mri_img
ctfile = filepath('ctbone157.jpg', subdir=['examples', 'data'])
read_jpeg, ctfile, ct_img
```

```
window, 1, xsize=483, ysize=410
```

```
loadct, 20
```

```
tvsc, ct_img
```

```
loadct, 0
```

두 영상은 크기도 다르고 촬영한 영역이 정확히 같지도 않습니다. 또한 촬영 당시 환자의 자세가 완전히 똑같았을 가능성은 거의 없습니다. 확대/축소와 같은 단순한 변환으로 일치 시킬 수는 없는 상태입니다.

Control Point의 지정

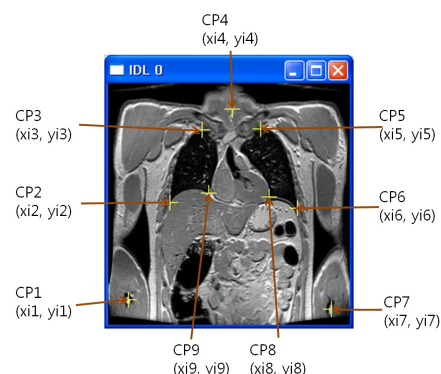
두 영상에서 사실상 같은 위치로 확인할 수 있는 곳을 Control Point로 지정할 것입니다. 이 예제에서는 그림과 같은 아홉 개의 점을 이용할 것이지만, 꼭 아홉 개여야 하는 것도 아니고 반드시 이 위치여야 하는 것도 아닙니다. 자유롭게 선택해도 좋습니다만 다음과 같은 점은 고려하여 선정합니다.

1. Control Point가 많을 수록 결과는 더 좋습니다.
2. 영상의 외곽 영역까지 고루 분포할 수 있도록 선정.
3. 변화가 심한 영역은 촘촘히 Control Point를 지정.
4. 부정확한 점은 아예 포함시키지 말 것. 만일 결과가 이상하게 나온다면, 일치하지 않는 점을 포함한 것은 아닌지 확인.

IDL에서 Cursor 프로시저를 이용하면 클릭한 곳의 좌표를 읽을 수 있습니다. /DEVICE 키워드를 사용하면 화면상의 픽셀 좌표로 읽으므로, 영상 대 영상의 매칭일 경우에는 /DEVICE 키워드를 사용합니다.

Tip : 이 예제는 간단히 실습을 해 보기 위한 것이므로 너무 세심하게 Control Point 좌표를 읽을 필요는 없습니다.

MRI 영상(변환 대상/Input)의 Control Points



wset, 0 ; MRI 영상 Display 창으로 Setting

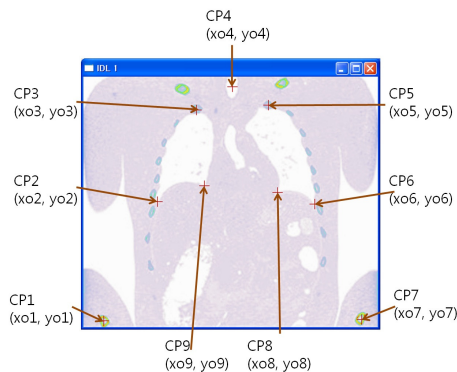
cursor, xil, yil, /device

위 명령 실행 후 그림과 같이 화면상의 CP1을 마우스로 클릭합니다. "print, xi1, yi1"으로 결과를 출력해 보아도 좋습니다. 마찬가지로 모든 점들의 좌표를 읽습니다.

```
cursor, xi2, yi2, /device
;... 3, 4, 5, 6, 7 의 경우도 유사한 입력으로 생략함 ...
cursor, xi8, yi8, /device
cursor, xi9, yi9, /device
```

CT 영상(기준 영상/Output)의 Control Points

```
wset, 1
cursor, xo1, yo1, /device
cursor, xo2, yo2, /device
;... 3, 4, 5, 6, 7 의 경우도 유사한 입력으로 생략함 ...
cursor, xo8, yo8, /device
cursor, xo9, yo9, /device
```



Control Points를 배열로 취함

```
xi=[xi1, xi2, xi3, xi4, xi5, xi6, xi7, xi8, xi9]
yi=[yi1, yi2, yi3, yi4, yi5, yi6, yi7, yi8, yi9]
xo=[xo1, xo2, xo3, xo4, xo5, xo6, xo7, xo8, xo9]
yo=[yo1, yo2, yo3, yo4, yo5, yo6, yo7, yo8, yo9]
```

Tip : save, filename='controlpoints.sav', xi, yi, xo, yo 로 한번 저장해 놓으면, restore, 'controlpoints.sav' 로 언제든지 복원할 수 있습니다.

영상 변환(Warping)

WARP_TRI() 함수를 이용하는 경우

WARP_TRI()는 삼각 그물망을 만들어 Interpolation을 수행합니다.

;입력좌표 xi, yi, 출력좌표 xo, yo일 때, 입력 영상 mri_img를 ;483, 410 크기의 영상으로 변환하는 WARP_TRI() 용법은 다음과 같습니다. Control Point보다 외곽에 있는 픽셀들도 변환을 ;수행하여야 하므로 /EXTRAPOLATE 키워드를 사용합니다.

```
wrpTri=WARP_TRI(xo, yo, xi, yi, mri_img, $
output_size=[483, 410], /extrapolate)
window, 2, xsize=483, ysize=410, title='WARP_TRI Image'
tv, wrpTri
```

POLY_2D() 함수를 이용하는 경우

POLY_2D는 2차원 배열을 다항식에 의해 좌표 변환하여 새로운 2차원 배열로 만드는 함수입니다. 그러므로 다항식의 계수가 있어야 하는데 이는 PolyWARP 프로

시저로 계산합니다.

```
;xi, yi 배열이 입력 좌표이고 xo, yo 배열이 출력좌표일 때,
;이 변환식을 1차식으로 생성하고 그 계수를 p와 q 배열로 생성
PolyWARP, xi, yi, xo, yo, 1, p, q
;1차 변환식의 계수 p, q를 이용하여 mri_img를 483, 410
;크기의 새로운 영상으로 변환
wrpPoly=Poly_2D(mri_img, p, q, 1, 483, 410)
Window, 3, xsize=483, ysize=410, title='Poly 2D image'
TV, wrpPoly
```

TIP : N차 다항식을 세우기 위해 $(N+1)^2$ 개의 점이 필요하므로 9 개의 점이면 2차식을 시도해 볼 수 있습니다.

TIP : wrpTRI 영상과 wrpPoly 영상은 언뜻 보기에는 유사하지만 다른 모델을 통해 변환되어 결과가 조금 다릅니다.

디스플레이

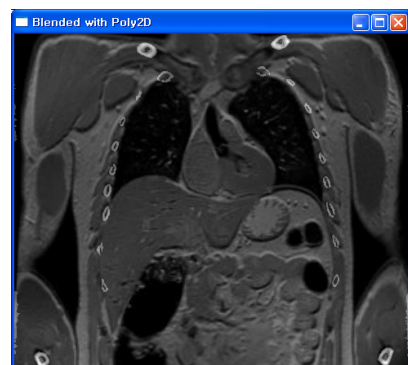
CT 이미지를 조사해 보면, 뼈와 근육(장기)의 농도값은 대략 55 정도를 기준으로 구분되는 것을 확인할 수 있습니다. 다음과 같이 1번 창에 디스플레이되어 있는 CT 이미지의 픽셀값을 조사해 봅시다.

```
wset, 1
rdpix, ct_img
```

마우스를 영상 위에서 이동하며 뼈와 근육의 농도값을 확인하고 오른쪽 버튼을 클릭하여 종료합니다.

CT 영상에서 뼈만 남기고 그보다 값이 작은 부분은 제거하려고 합니다. 다음과 같이 마스크 기법을 이용할 수 있습니다.

```
mask=bytsc1((ct_img gt 55) * ct_img)
골격만 남은 CT 영상과 변환된 MRI 영상을 1:0.75의 비로
융합하여 디스플레이 합니다.
blend=bytsc1(mask + 0.75*wrpPoly)
window, 4, xsize=483, ysize=410, title='Blended with Poly2D'
tv, blend
```



마찬가지로 WARP_TRI()의 결과도 CT 영상과 융합하여 디스플레이 해 봅니다.

```
blend2=bytsc1(mask+0.75*wrpTri)
window, 5, xsize=483, ysize=410, title='Blended with WARP_TRI'
tv, blend2
```