

问题一：RTSTRUCT 文件中存储的数据类型判定（边界点 vs 内部点）

1. 研究目的

在对医学影像中的器官轮廓进行进一步处理（如轮廓简化、相似度评估、点密度分析）之前，首先需要明确：

RTSTRUCT 文件中存储的是区域内部的所有点，还是仅存储区域的边界点？

该判定将直接决定后续是否需要执行“边界提取”等预处理步骤。

2. 数据背景

研究对象为 DICOM RTSTRUCT 文件。

RTSTRUCT 是放疗计划中用于存储人工或半自动勾画器官轮廓的标准格式。

3. 方法

使用 Python 结合 pydicom 库读取 RTSTRUCT 文件，检查与轮廓定义直接相关的关键字段，包括：

- `ContourGeometricType`
- `NumberOfContourPoints`
- `ContourData` 的存储结构与长度

4. 实现代码

```
from pathlib import Path
import pydicom

# 查找 RTSTRUCT 文件
rtstruct_path = next(Path(r'd:\point_plotting_research').rglob('*	RTSTRUCT*.dcm'))

# 读取 DICOM
ds = pydicom.dcmread(str(rtstruct_path))

# 输出 ROI 列表
print("ROIs in this RTSTRUCT:")
for r in ds.StructureSetROISequence:
    print(f"  ROI{r.ROIDisplayName} Number={r.ROIDisplayName}, ROIName={r.ROIName}")

# 读取第一个 ROI 的第一个轮廓
contour = ds.ROIContourSequence[0].ContourSequence[0]

# 输出关键字段
print("\nContour information:")
print("ContourGeometricType:", contour.ContourGeometricType)
```

```
print("NumberOfContourPoints:", contour.NumberOfContourPoints)
print("len(ContourData):", len(contour.ContourData))
```

5. 输出结果

```
(.venv) PS D:\point_plotting_research\src> python check_edge_points.py
ROIs in this RTSTRUCT:
    ROIName=Prostate
    ROIName=Lesion 1

Contour information:
    ContourGeometricType: CLOSED_PLANAR
    NumberOfContourPoints: 308
    len(ContourData): 924
```

len是NumberOfContourPoints的三倍 · 每个点有x, y, z三个坐标 · 证明该数据只有轮廓

问题二：最小边界点数的确定

(轮廓简化与相似度评估)

1. 研究目的

在确认 RTSTRUCT 文件中存储的是器官 边界点 之后 · 进一步关注的问题是：

在保证轮廓几何形状与原始轮廓高度一致的前提下 · 最少需要多少个边界点？

明确最小有效边界点数有助于：

- 减少轮廓数据规模
- 提高几何计算与后续分析效率
- 为多病例统计分析提供统一的轮廓表示方式

2. 方法概述

2.1 原始轮廓

- 数据来源 : DICOM RTSTRUCT
- 研究 ROI : Prostate
- 原始轮廓点数 : 308
- 轮廓类型 : CLOSED_PLANAR (闭合平面轮廓)

2.2 轮廓简化策略

将原始轮廓视为一条 **闭合折线**，沿轮廓弧长方向进行 **等距离重采样**，生成不同点数的简化轮廓。

本实验中测试的目标点数包括：

16
32
48
64
128
256

2.3 相似度评价指标

为定量比较简化后轮廓与原始轮廓之间的几何差异，采用以下两种 **互补指标**：

(1) 面积相对误差 (**Area Relative Error**)

$$\text{Area Error} = \frac{|\text{Area}_{\text{simplified}} - \text{Area}_{\text{original}}|}{\text{Area}_{\text{original}}}$$

用于衡量简化后轮廓在 **整体形状与尺度** 上的保持程度。

(2) Hausdorff 距离

Hausdorff 距离衡量两条轮廓曲线之间的 **最大局部偏差**，定义为：

$$d_H(A, B) = \max \left(\sup_{a \in A} \inf_{b \in B} |a - b|, \sup_{b \in B} \inf_{a \in A} |b - a| \right)$$

该指标对局部几何误差高度敏感，单位为 **毫米 (mm)**。

2.4 可接受误差阈值

根据医学影像几何精度需求，设定如下经验阈值：

指标	阈值
面积相对误差	$\leq 1.0\%$
Hausdorff 距离	$\leq 0.5\text{ mm}$

当简化轮廓 **同时满足** 上述两个条件时，认为其与原始轮廓在几何上 **等价**。

3. 实验结果

程序运行输出如下：

pts	area_err(%)	hausdorff(mm)
16	2.417	1.199
32	1.314	0.991
48	0.767	0.464
64	0.214	0.367
128	0.234	0.256
256	0.022	0.129

程序自动判定结果：

```
Minimal acceptable points = 48
(area_err ≤ 1.0%, Hausdorff ≤ 0.5 mm)
```

4. 结果分析

点数较少 (16、32) 时

- 面积误差和 Hausdorff 距离均明显超出阈值
- 轮廓在整体和局部几何上存在显著失真

点数达到 48 时

- 面积相对误差首次低于 **1%**
- Hausdorff 距离首次低于 **0.5 mm**

表明简化轮廓在 **全局与局部形态** 上均与原始轮廓高度一致。

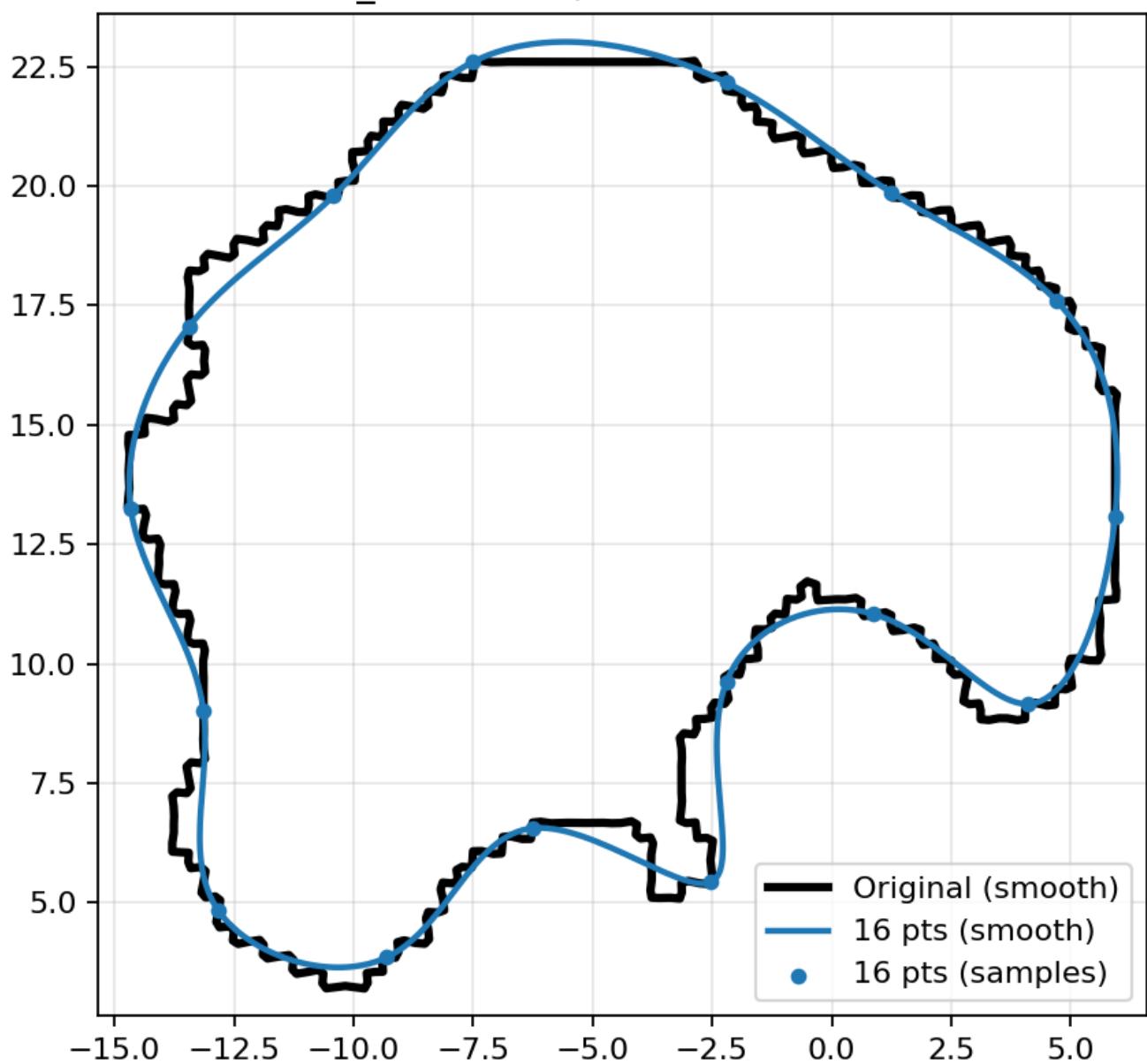
点数继续增加 (64、128、256)

- 几何误差进一步减小
- 误差下降幅度逐渐减弱
- 呈现明显的 **边际收益递减** 现象

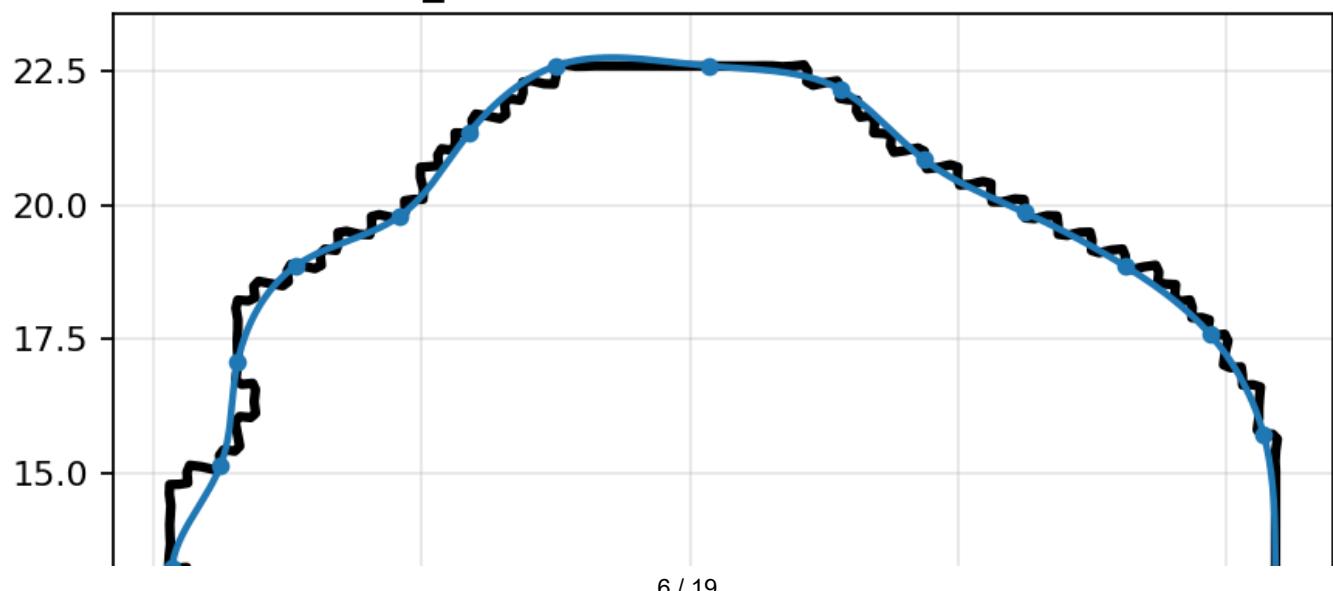
5. 可视化结果

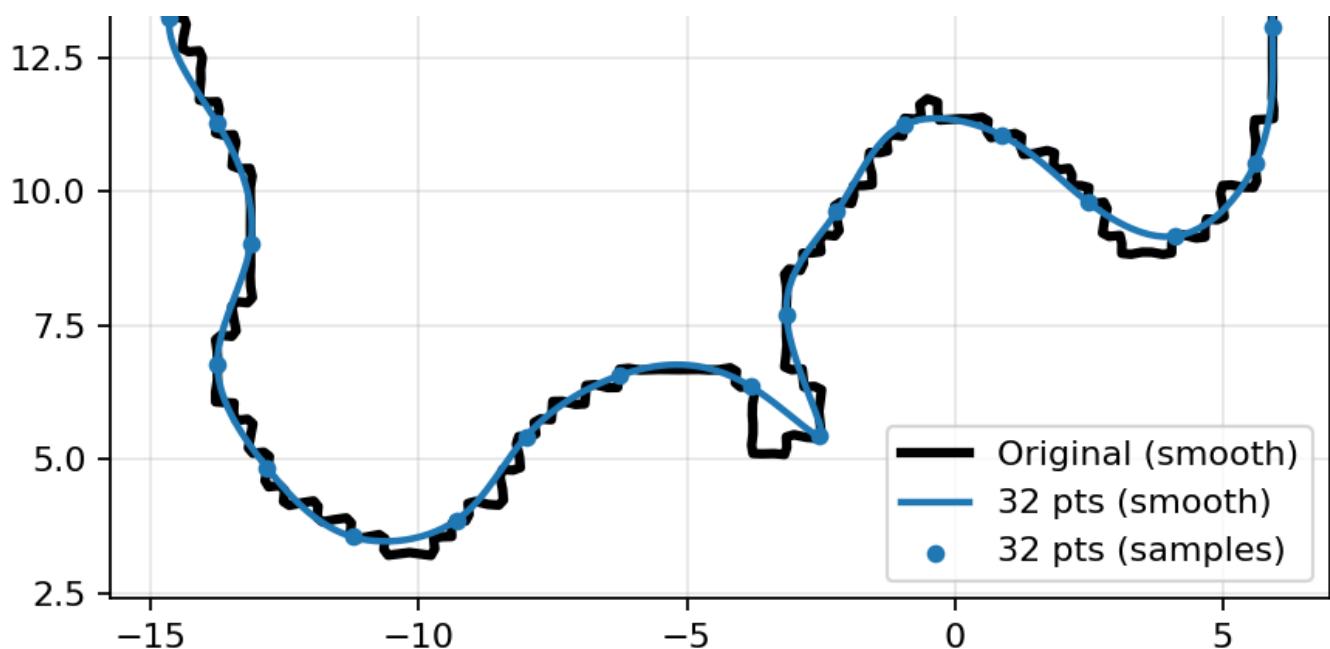
下图展示了原始轮廓与不同点数简化轮廓之间的对比结果：

Prostate - 16 pts
area_err=2.42%, Hausdorff=1.20 mm

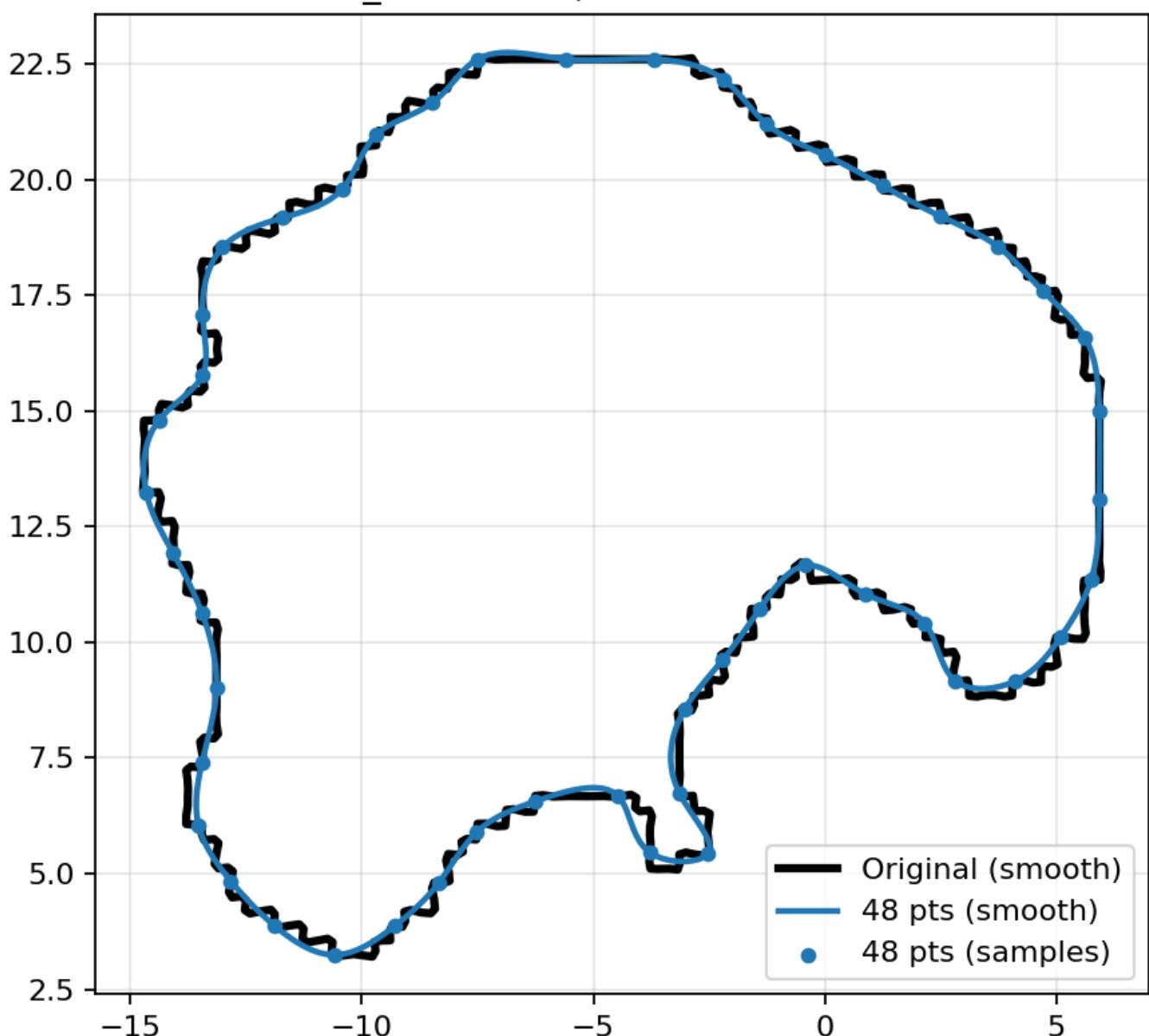


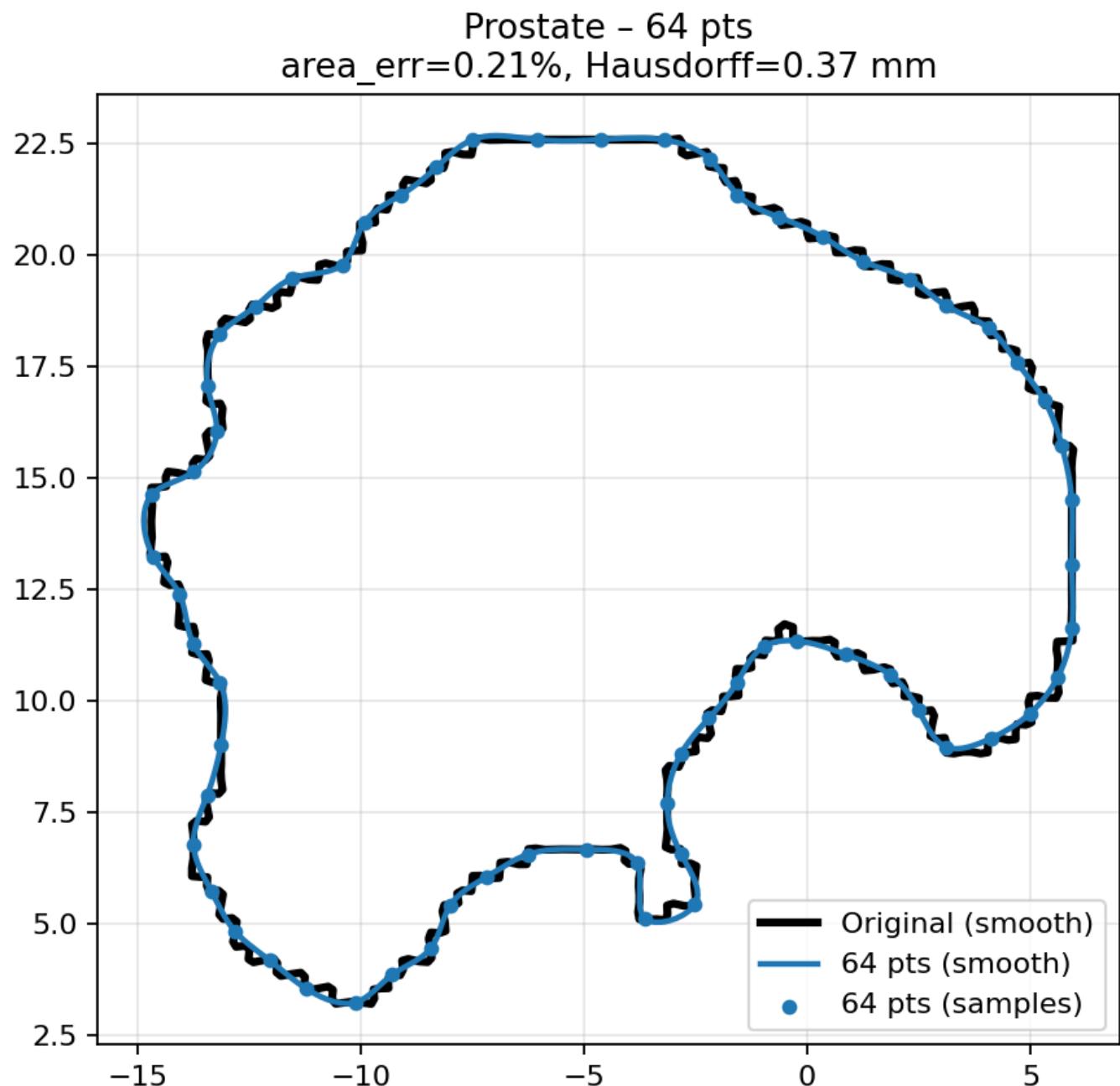
Prostate - 32 pts
area_err=1.31%, Hausdorff=0.99 mm

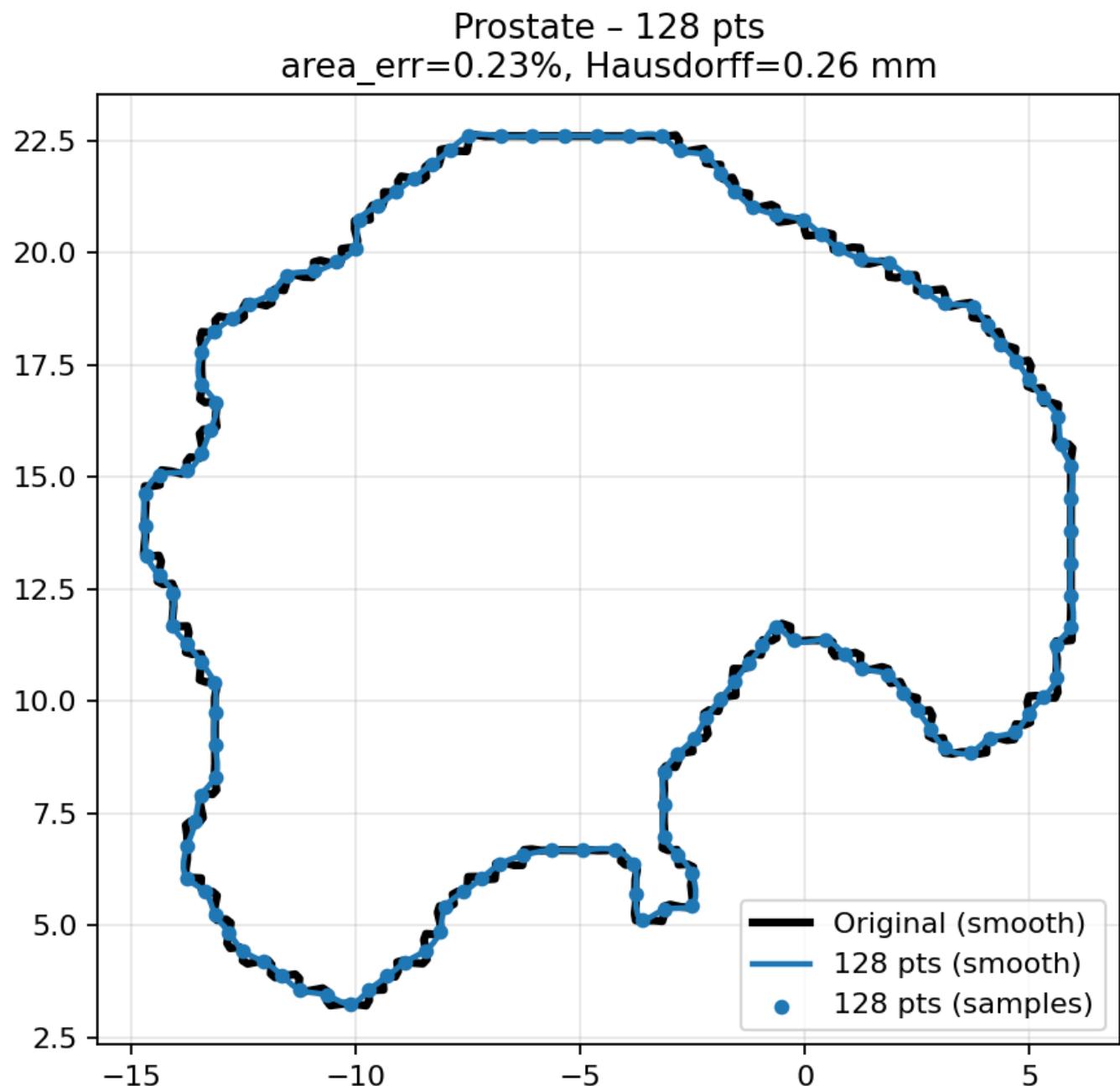


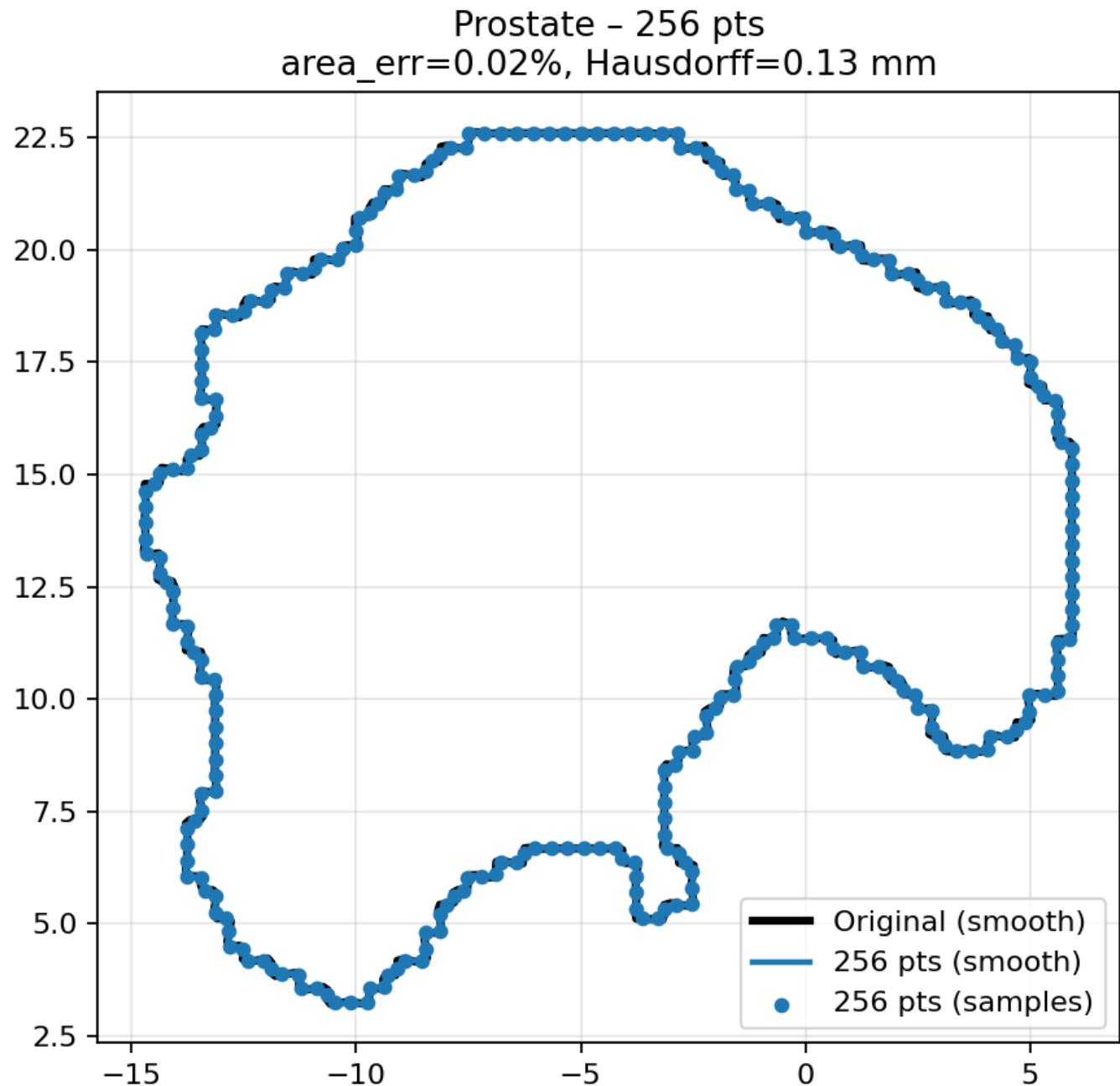


Prostate - 48 pts
area_err=0.77%, Hausdorff=0.46 mm









注：

- 所有几何误差计算均基于真实轮廓折线
- 平滑曲线仅用于可视化展示，不参与误差计算

6. 结论

- 轮廓简化后，几何误差随点数增加而 单调下降
- 在本实验设定的误差阈值下：

48 个边界点是保持轮廓几何相似性的最小可接受点数

问题三：基于边界几何复杂度的自适应采样策略研究

(边界点密集性与轮廓重建质量分析)

1. 研究动机

前述实验已确认：

- RTSTRUCT 文件中仅存储器官边界点
- 对前列腺轮廓而言，**48 个等距边界点即可在面积误差与 Hausdorff 距离意义下与原始轮廓几何等价**

然而，**等弧长重采样方法**隐含了一个关键假设：

轮廓各处的几何复杂度是均匀的

这一假设在实际医学器官中并不成立。真实器官轮廓通常同时包含：

- **高曲率区域**：边界转折剧烈
- **低曲率区域**：近似直线或缓慢变化

若在所有位置均匀分配边界点，将导致：

- 在平滑区域浪费点数
- 在复杂区域点数不足，引起局部形态失真

因此，本节关注的核心问题是：

是否可以通过边界点的非均匀分布，在相同点数下更好地重建真实轮廓？

2. 方法概述

2.1 基本思想

将原始轮廓视为一条闭合边界曲线，依据其局部几何复杂度（如转折、弯曲程度）自适应分配边界点：

- 高几何复杂度区域 → **边界点密集**
- 低几何复杂度区域 → **边界点稀疏**

在**总点数固定**的前提下，目标是：

- 最大限度保留局部几何特征
- 减小最大边界偏移（Hausdorff 距离）

2.2 自适应采样策略

具体实现流程如下：

1. 对原始边界进行**高分辨率参数化表示**
2. 估计边界上的**局部几何变化程度**（如转折强度）
3. 构造一条沿边界的**非均匀累积分布函数**
4. 在该分布上进行**等分采样**，生成目标点数的边界点

该策略本质上实现了：

点密度与边界几何复杂度成正比，即
\$\text{点密度} \propto \text{边界几何复杂度}\$

3. 平滑轮廓构造方式说明（技术细节）

为避免简化后轮廓出现锯齿或不自然的折线连接，在自适应采样点基础上引入平滑曲线构造。

本文尝试了两种平滑方式：

- 全局 **Spline** 平滑
- 局部 **Chaikin** 细分平滑

需要强调的是：

平滑方法并非本节研究核心，仅用于验证“点分布方式”对轮廓重建质量的影响。

4. 实验结果

在相同自适应采样点数条件下，计算简化轮廓与原始轮廓之间的：

- 面积相对误差
- **Hausdorff** 距离

4.1 基于全局 Spline 平滑的结果

pts	area_err (%)	Hausdorff (mm)
16	4.020	4.063
32	0.912	3.112
48	0.501	2.534
64	0.372	2.500
128	0.026	2.202
256	0.027	2.154

4.2 基于局部 Chaikin 平滑的结果

pts	area_err (%)	Hausdorff (mm)
16	3.546	3.797
32	1.163	2.825
48	0.268	2.401
64	0.531	2.193
128	0.141	1.508

pts	area_err (%)	Hausdorff (mm)
256	0.043	0.987

5. 结果分析：点分布比“曲线形式”更关键

5.1 主要观察结论

尽管采用了不同的平滑曲线构造方式，实验结果呈现出一致趋势：

- 在相同点数下
- 自适应采样得到的轮廓：
 - 面积误差始终维持在较低水平
 - Hausdorff 距离随点数增加稳定下降

5.2 Hausdorff 距离显著改善的原因

Hausdorff 距离度量的是：

两条轮廓之间的**最大局部偏移**

在等弧长采样中：

- 低曲率区域被过度采样
- 高曲率区域点数不足
- 导致局部轮廓外扩或内缩

而在自适应采样中：

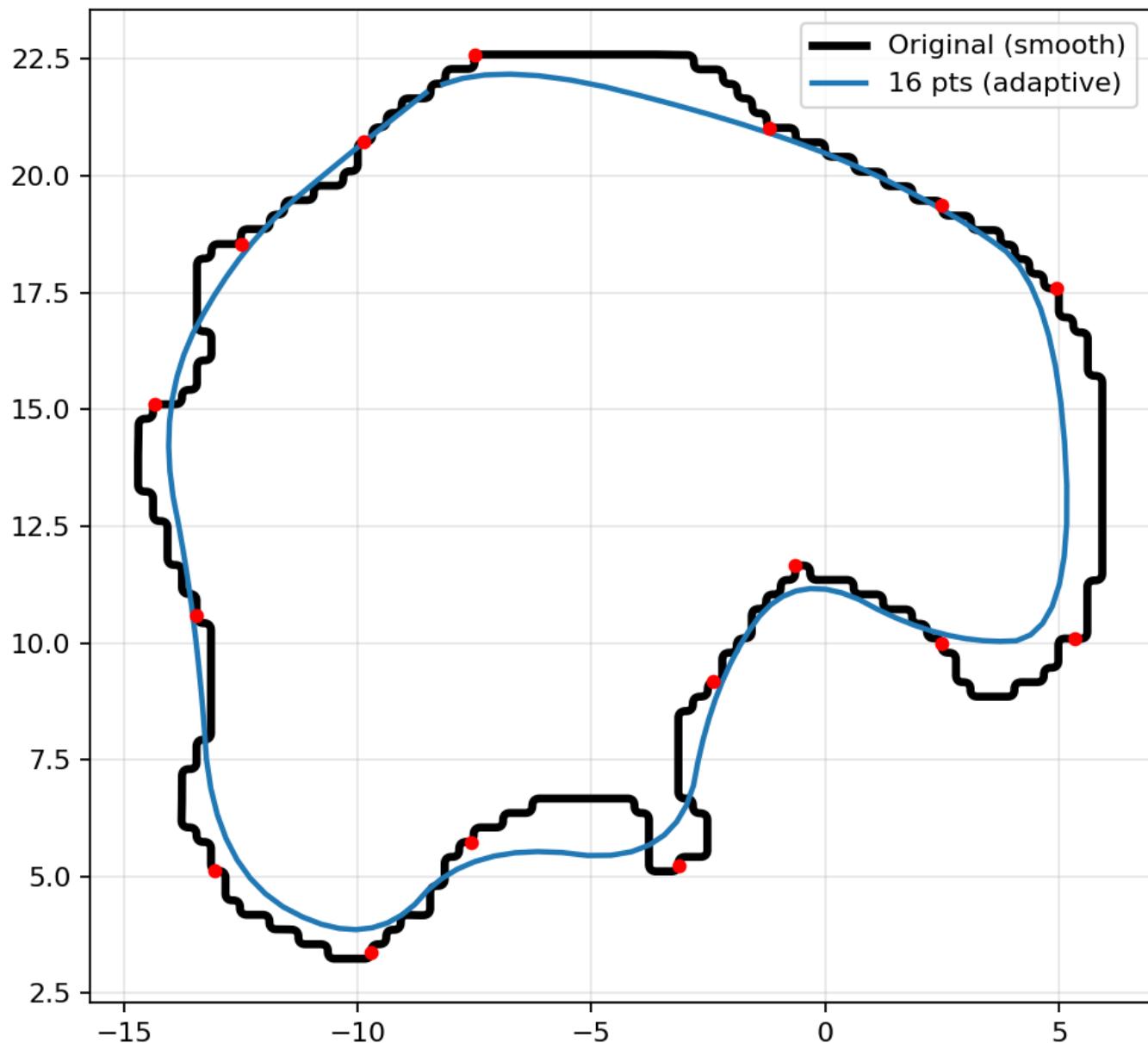
- 高曲率区域被密集采样
- 边界最大偏移被有效约束
- 从而显著降低 Hausdorff 距离

6. 可视化结果说明

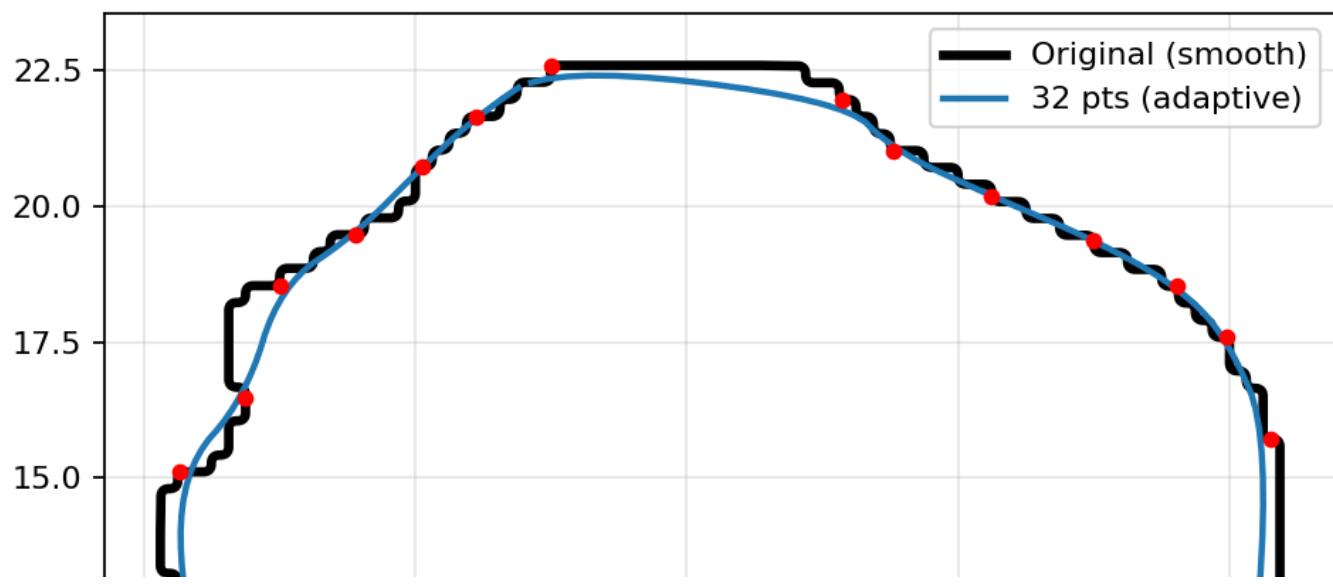
下图展示了自适应采样下，不同点数轮廓的边界点分布特征：

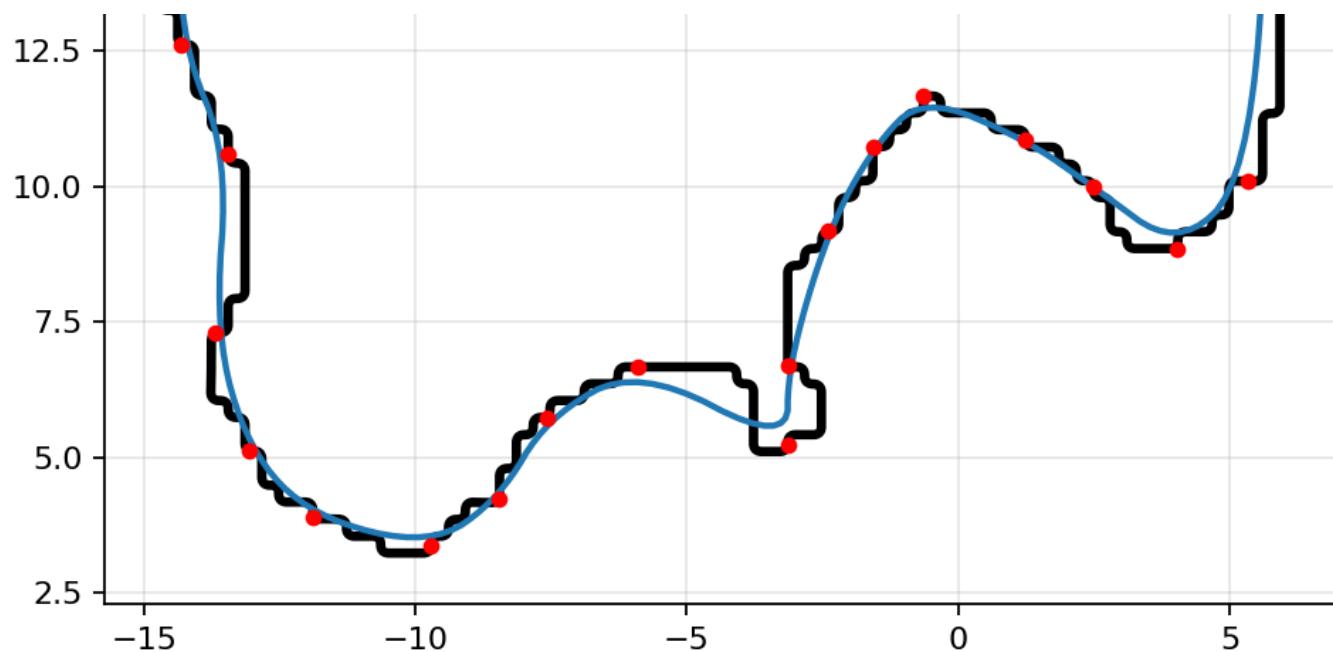
- **高转折区域**：点明显密集
- **平直区域**：点明显稀疏
- **整体轮廓形态**：与原始边界高度一致

16 pts
Area err=3.55%, Hausdorff=3.80 mm

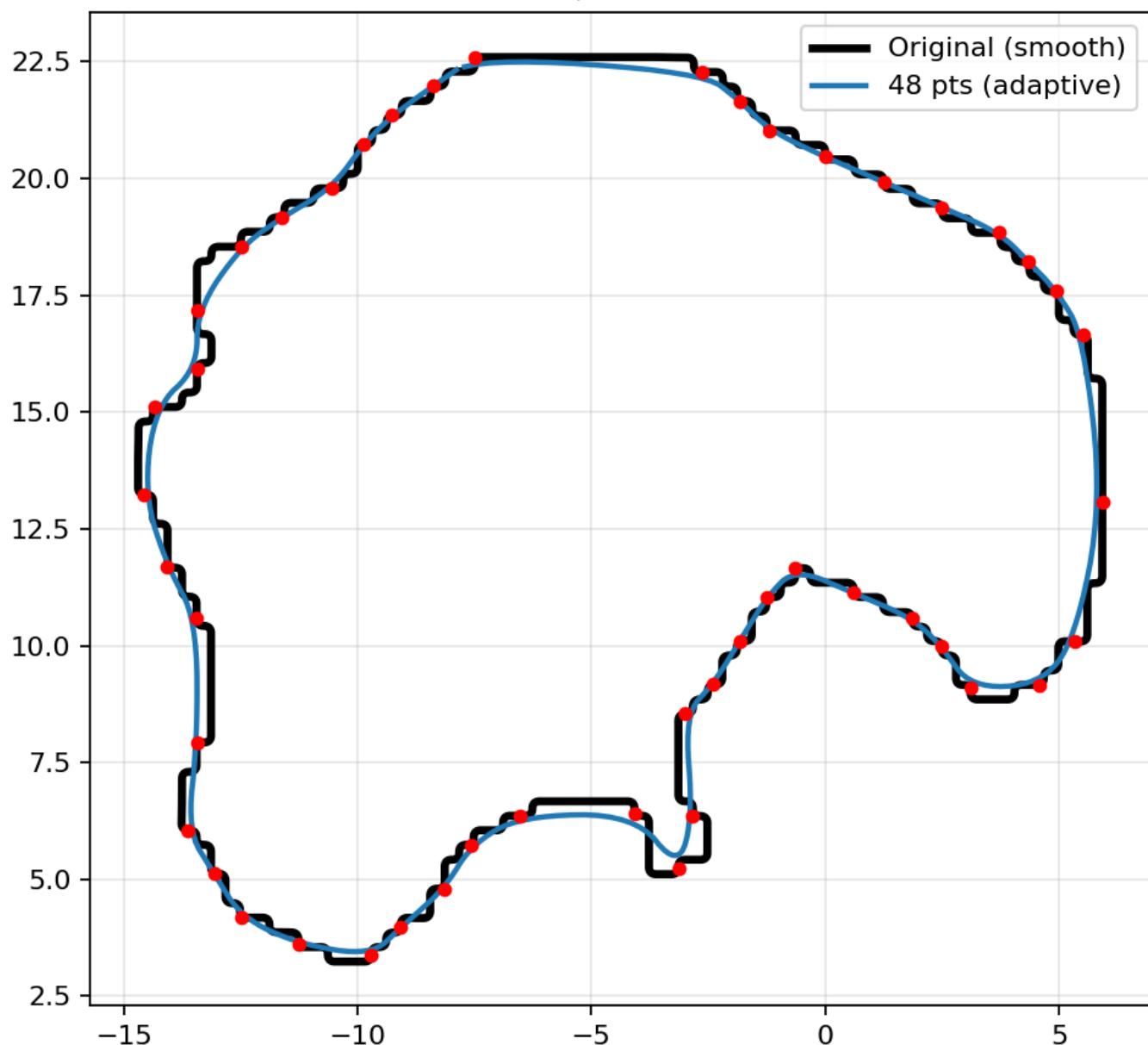


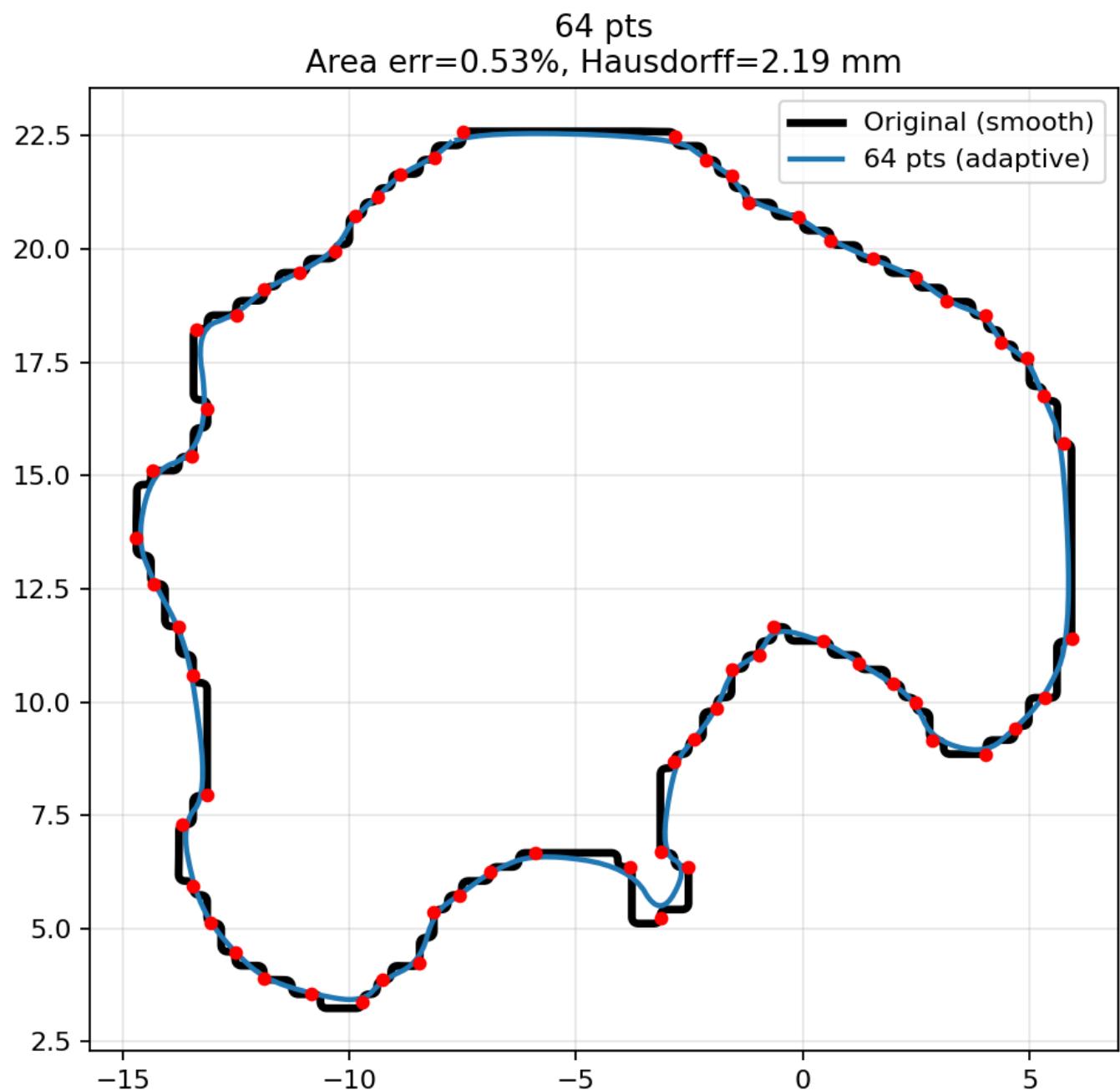
32 pts
Area err=1.16%, Hausdorff=2.83 mm

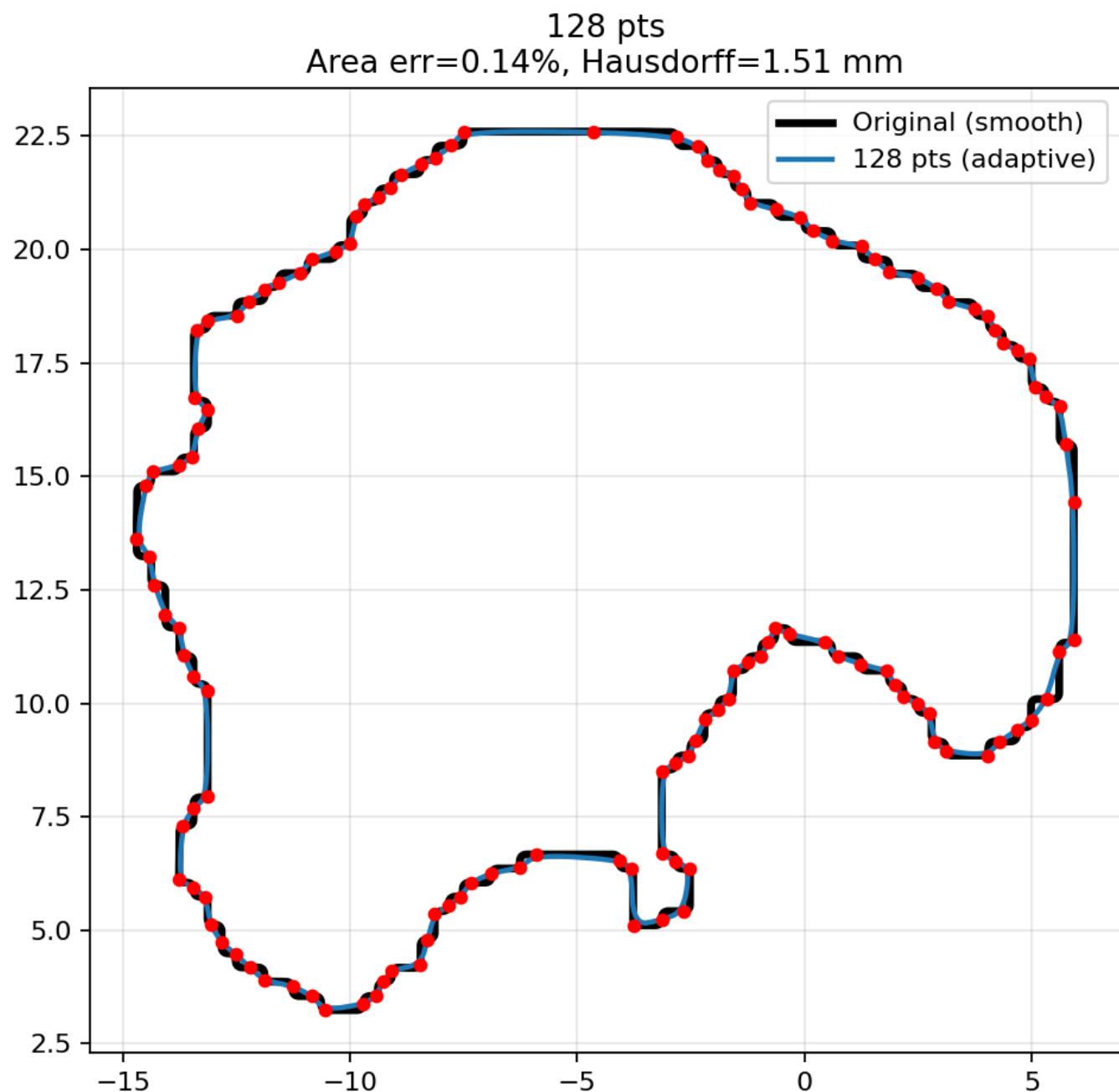


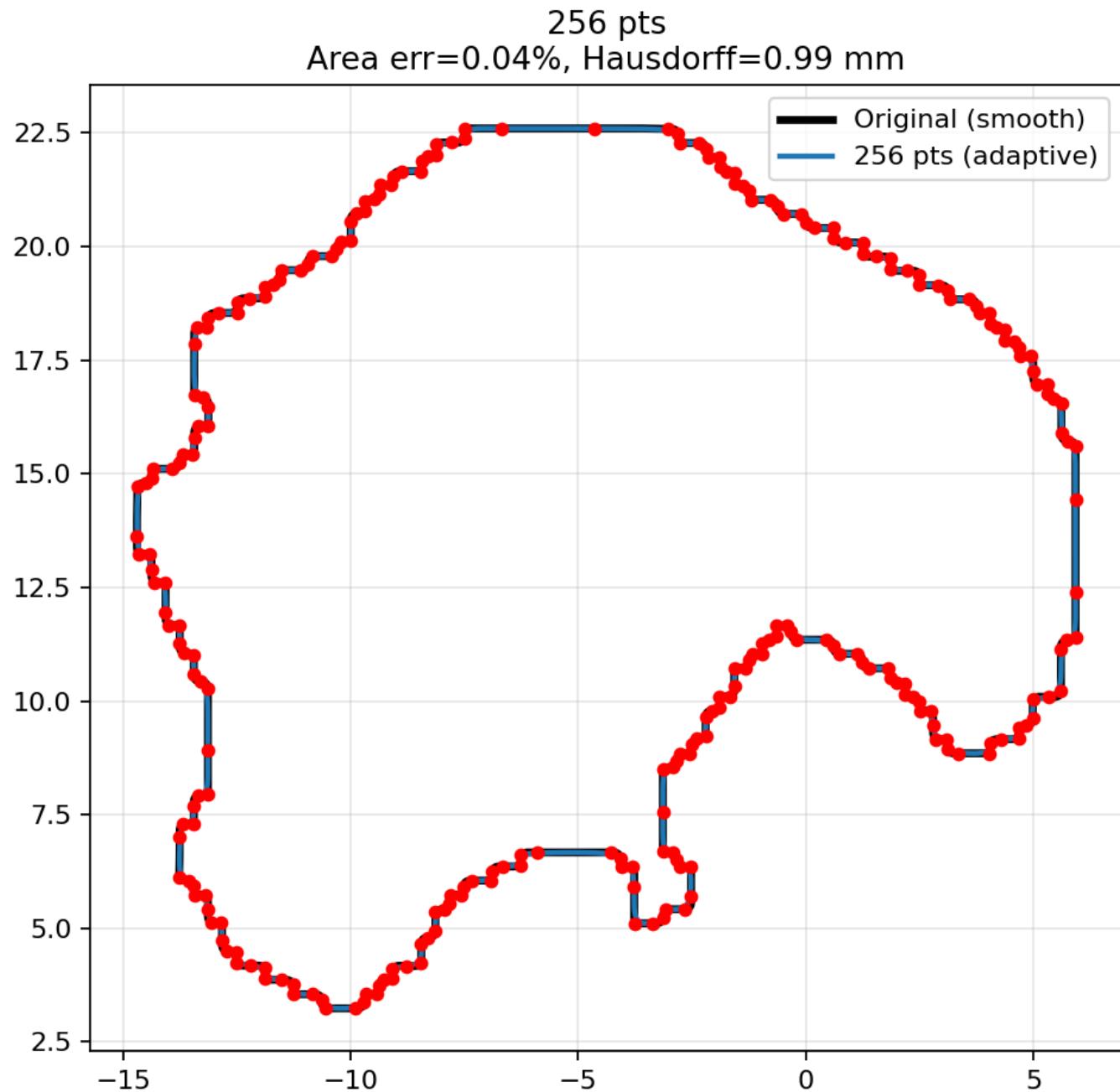


48 pts
Area err=0.27%, Hausdorff=2.40 mm









7. 本节结论

- RTSTRUCT 边界点具有明显的几何复杂度不均匀特征
- 基于边界几何复杂度的自适应采样：
 - 在相同点数下优于等距采样
 - 显著降低局部最大几何误差 (Hausdorff 距离)
- 平滑曲线方法仅影响视觉表现，而非核心几何一致性