

Segmentation couleur d'images cytologiques par morphologie mathématique*

21^e Journée ISS France

Olivier Lezoray^{1,3}, Abderrahim Elmoataz^{1,2}, Hubert Cardot¹, Gilles Gougeon¹, Michel Lecluse³,
Hubert Elie³, Marinette Revenu²

¹ : Laboratoire Universitaire des Sciences Appliquées de Cherbourg

² : Groupement de Recherche en Informatique, Image et Instrumentation de Caen

³ : Service d'Anatomie et de Cytologie Pathologiques du Centre Hospitalier Louis Pasteur de Cherbourg, Rue du Val de Saire, 50102 Cherbourg

Tel : (2) 33207496 — e-mail : <lezoray@info.unicaen.fr>

Web : <http://www.info.unicaen.fr/~lezoray>

Le screening (étape de lecture d'une lame cytologique) est une activité manuelle qui consiste en une inspection visuelle de toutes les cellules présentes sur une lame. Le but de cette étape est la détection des cellules anormales ou suspectes afin d'établir un diagnostic. Le faible nombre de cellules anormales observées durant le screening implique une grande concentration du cytotechnologiste. A cause de ce facteur subjectif, quelques erreurs apparaissent et peuvent causer des faux-négatifs. Une approche prometteuse est d'aider le cytopathologiste dans sa recherche des cellules anormales sur la lame. Un système semi-automatique informatique pourrait contribuer à la détection des erreurs de screening par une meilleure fiabilité. De tels systèmes sont construits afin d'opérer en conjonction avec le screening humain par un rescreening des lames qui ont été jugées normales. Nous nous proposons de réaliser un système d'aide au screening utilisant l'analyse d'image. Nous présentons ici la première étape de notre système : la segmentation. Notre travail consiste à élaborer une stratégie de segmentation couleur d'images de cytologie des séreuses. Cette stratégie est basée sur l'extraction de régions par morphologie mathématique en utilisant l'information couleur dans différents espaces afin d'obtenir les régions nucléaires et cytoplasmiques des cellules.

Nos images sont des images multispectrales obtenues à partir d'une caméra couleur 3CCD. Elles sont acquises avec une taille de 512x512 à une résolution de 24 bits. Les images sont stockées dans un PC sous Windows NT et référencées dans une base de données ACCESS. Le procédé d'acquisition a été maintenu strictement constant, caméra et microscope étant calibrés pour assurer un enregistrement correct de chaque canal couleur. Pour corriger certaines inhomogénéités présentes sur chaque champ acquis, nous effectuons une division par une image d'un fond blanc uniforme.

La principale caractéristique de nos cellules est leur couleur : le noyau est bleu et le cytoplasme est vert sauf pour les hématies qui sont colorées en rouge. Leur configuration spatiale et leur couleur sont d'une extrême variabilité : cela peut aller des cellules isolées ou accolées aux amas avec ou sans recouvrement des cellules. Notre stratégie de segmentation procède d'une façon ascendante : tout d'abord nous déterminons si il y a des noyaux sur l'image en utilisant la teinte des cellules dans l'espace couleur HSL. Si c'est le cas nous isolons tous les globules rouges car ils n'ont pas de réel intérêt pour les résultats de la segmentation et pourraient être gênants pour déterminer les régions cellulaires. Nous utilisons à nouveau la teinte pour isoler tous les objets rouges, cela nous donne un masque binaire sélectionnant les régions de l'image sans globules rouges. A ce stade nous nous focalisons sur l'extraction des cytoplasmes et des noyaux avec une méthode de morphologie mathématique pour une meilleure détermination des régions. Nous utilisons la ligne de partage des eaux avec des marqueurs obtenus dans différents espaces couleur et avec une fonction de potentiel exprimée par : $f(p, R) = (1 - \alpha)\|\bar{I}_R - I(p)\| + \alpha\|\nabla I(p)\|$ avec $I(p)$ le

*Ce travail a été réalisé dans le cadre d'une thèse de doctorat financée par la Ligue Contre le Cancer (Comité de la Manche)

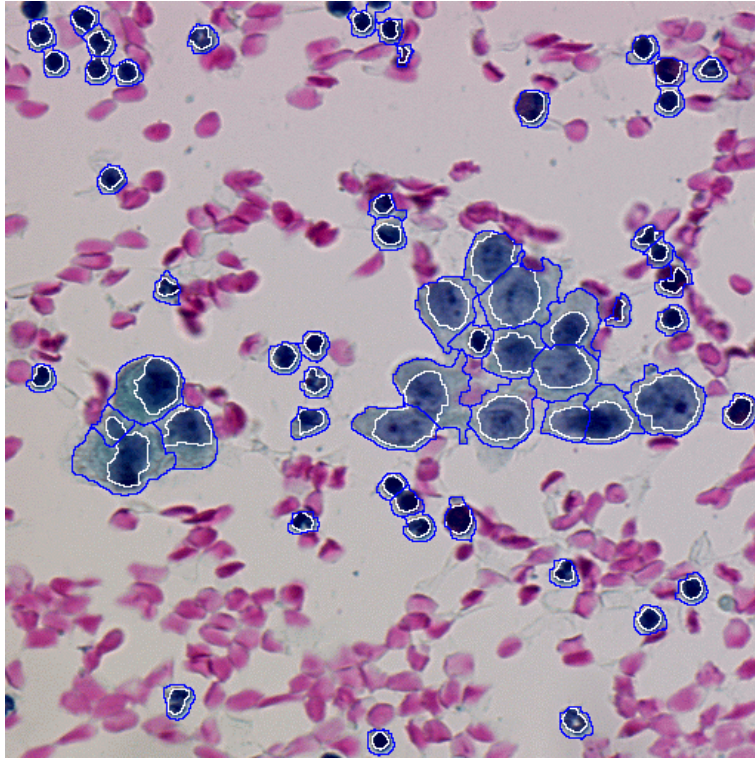


FIG. 1: Une image de cytologie des séreuses segmentée.

vecteur couleur de l'image I au point p , \bar{I}_R le vecteur moyen de la couleur sur la region R , $\|\nabla I(p)\|$ le module du gradient au point p . Pour le cytoplasme, les marqueurs sont obtenus à partir d'un seuillage automatique de la luminance dans l'espace couleur HSL et $f(p,R)$ est calculée dans l'espace couleur RVB avec α égal à 1. Pour les noyaux nous obtenons les marqueurs par un seuillage automatique de l'image $\frac{(B-V)+v^*}{2}$ (obtenue à partir des espaces couleur RVB et $L*u*v^*$) qui a la particularité de faire ressortir à la fois les noyaux clairs et foncés. $f(p,R)$ est calculée dans l'espace RVB avec α égal à 0.5. Après l'extraction des régions cytoplasmiques et nucléaires, nous devons séparer les noyaux accolés. Nous utilisons pour cela une ligne de partage des eaux sur l'inverse de l'image de distance aux frontières nucléaires avec comme marqueurs, les érodés ultimes de l'image de distance. Ce procédé permet de séparer les noyaux ayant des concavités dans leur bordure nucléaire. L'étape finale consiste ensuite à dissocier les cytoplasmes afin d'avoir seulement un seul noyau ou amas de noyaux par cytoplasme. Nous utilisons à nouveau une ligne de partage des eaux avec les noyaux séparés comme marqueurs et la composante bleue lissée comme fonction de potentiel. Ce procédé utilise deux principales informations : la position des noyaux et les transitions locales internes dans le cytoplasme.

La particularité de notre stratégie est d'utiliser la couleur couplée à des outils de morphologie mathématique et de l'appliquer sur toutes les cellules, même sur les amas les plus difficiles. Un ensemble de plus de 2000 cellules a été évalué par trois experts afin d'estimer le taux de réussite de la segmentation. Toutes les cellules sont isolées quelle que soit leur configuration spatiale (Figure 1). Le taux de réussite moyen est de 94.5% pour les noyaux et de 93% pour les cytoplasmes. Nous concluons que notre segmentation basée sur la morphologie mathématique et la couleur est robuste et fournit un bon outil d'extraction des cellules et amas de cellules.