

SEGMENTATION D'IMAGES COULEUR PAR CLASSIFICATION DE PIXELS ET MORPHOLOGIE MATHÉMATIQUE

C. Meurie¹, O. Lezoray¹, A. Elmoataz¹, M. Lecluse², H. Elie²

¹ LUSAC EA 2607 - Groupe Vision et Analyse d'Images

BP 78, Site Universitaire, 50130 Cherbourg-Octeville

Mél : cyril.meurie@chbg.unicaen.fr — Web : <http://meurie.info.free.fr>

² Service d'Anatomie et de Cytologie Pathologiques

Centre Hospitalier Louis Pasteur de Cherbourg

Rue du Val de Saire, 50102 Cherbourg-Octeville

L'analyse d'images dans le domaine de la cytopathologie du cancer du poumon est un outil de diagnostic en voie de développement. L'analyse quantitative de la forme et de la structure des noyaux issue d'images couleur de microscopie photonique apporte au pathologiste des informations précieuses pour l'aide au diagnostic. Cette étude de paramètres ne peut se faire qu'à partir d'objets parfaitement segmentés. La segmentation des cellules bronchiques est une segmentation difficile liée au fait que ces dernières sont récoltées dans un contexte très mucoïde, le mucus présent dans le fond ayant le même aspect que certaines cellules (cytoplasme, noyau) dans le cadre de la coloration internationale de Papanicolaou.

Notre travail consiste à élaborer une stratégie de segmentation couleur d'images de cytologie bronchique. La principale information à priori dont nous disposons est l'information couleur. Cette information est d'une extrême variabilité (le noyau en bleu, le cytoplasme en vert, les hématies en rouge, le mucus en bleu-vert). Notre stratégie permettant d'obtenir les régions nucléaires et cytoplasmiques sera donc principalement basée sur une classification de pixels en utilisant l'information couleur. Pour extraire des connaissances à partir des informations à priori, un expert en cytopathologie effectue une segmentation manuelle de plusieurs images (Fig. 1). Nous constituons ensuite deux bases d'images représentatives du problème à traiter : l'une servant de base d'apprentissage pour la classification de pixels et l'autre de base de tests afin d'évaluer notre segmentation. Les images sur lesquelles nous travaillons ont une taille de 572*752 pixels et une résolution de 24 bits.

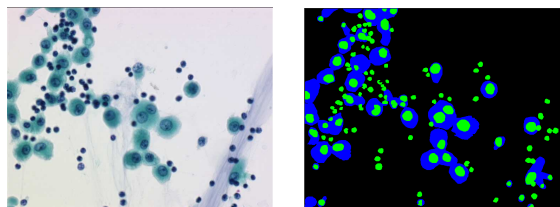


Figure 1: Une image microscopique (gauche) et sa segmentation manuelle (droite)

Nous proposons un schéma de segmentation automatique structuré en six étapes :

❶ Simplification d'image : L'étape de simplification consiste en un pré-traitement ayant pour but de lisser l'image initiale afin de réduire l'importance du bruit. La qualité de la croissance de régions effectuée par la Ligne de Partage des Eaux couleur dépendant fortement de l'image de gradient, ce dernier sera calculé à partir de l'image de gradient. Cette image lissée est aussi utilisée en entrée de l'étape de classification de pixels afin de vérifier la sensibilité du classifieur à la présence de bruit.

❷ Classification de pixels : L'étape de classification de pixels consiste à déterminer pour chaque pixel de l'image, sa classe d'appartenance parmi le fond, le cytoplasme ou le noyau (Fig. 2 et Tableau 1) . Pour réaliser cette classification, nous avons testé plusieurs fonctions de décision créées par des classifieurs non-supervisés : K-means, C-means, Fisher et des classifieurs supervisés : SVM, Bayes, k-PPV, RNMC. Chacune des fonctions de décision des classifieurs supervisés est déterminée à partir d'une base d'apprentissage construite depuis 4 images segmentées par

un expert en cytopathologie.

	Espace	IdCyto	IdNoyau
Kmeans	$YC_{h1}C_{h2}$	52.1 %	74.6 %
Fisher 0	$I_1I_2I_3$	56.3 %	67.6 %
Fisher 1	RGB	56.6 %	71.1 %
Fisher 2	HSL	56.1 %	67.1 %
Bayes	$YC_{h1}C_{h2}$	68.3 %	73.1 %
SVM	$YC_{h1}C_{h2}$	73.2 %	73.4 %
k-PPV	HSL	74.7 %	70.8 %
RNMC	$YC_B C_R$	64.4 %	69.1 %

Table 1: Résultats de la classification de pixels

③ Combinaison de classification de pixels : Tous les classifieurs ne donnant pas le même avis sur la classe à attribuer à un même pixel, nous obtenons des zones de non cohérence (Fig. 2 et Tableau 2). Une étape de fusion de classification de pixels permet alors de fiabiliser la reconnaissance des objets en utilisant la complémentarité qui peut exister entre différents classifieurs. Pour cela, nous combinons les classifications de pixels obtenues à l'étape précédente par différentes méthodes de combinaisons (min, max, somme, moyenne, vote majoritaire...) en utilisant l'information de voisinage et les performances relatives des classifieurs sur la base d'apprentissage.

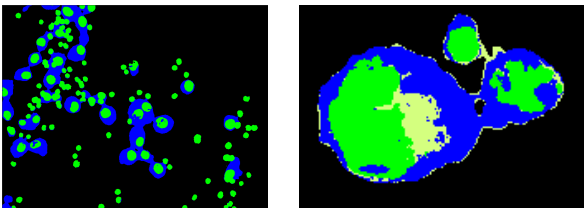


Figure 2: Une image classée (gauche) et des zones de non-cohérence en jaune (droite)

	Méthode Pixel à Pixel		Méthode Voisinage	
	IdCyto	IdxNoyau	IdCyto	IdNoyau
MIN	79.6 %	66.9 %	79.5 %	62 %
MAX	70.1 %	70.2 %	64.7 %	58.2 %
SOMME	77.4 %	74.3 %	79.4 %	74.7 %
MOY	77.4 %	74.3 %	79.4 %	74.7 %
VM	80.7 %	73.6 %	80.4 %	74.6 %

Table 2: Fusion hybride de classifieurs (K-means, Bayes, SVM, k-PPV)

④ Extraction de marqueurs : A partir de l'image produite à l'étape précédente, seul un sous-ensemble des pixels reconnus comme appartenant au noyau ou au cytoplasme sera conservé comme marqueurs valides. Le traitement est

basé sur des opérations de morphologie mathématique et essentiellement sur un nombre variable d'érosions suivant le marqueur choisi.

⑤ Ligne de Partage des Eaux couleur : Cette étape utilise en entrée les marqueurs de l'étape précédente (par fusion hybride de classifieurs en utilisant la somme) et l'image gradient afin de délimiter le plus précisément possible par une croissance, les régions des objets relatives aux noyaux et aux cytoplasmes (Fig. 3).

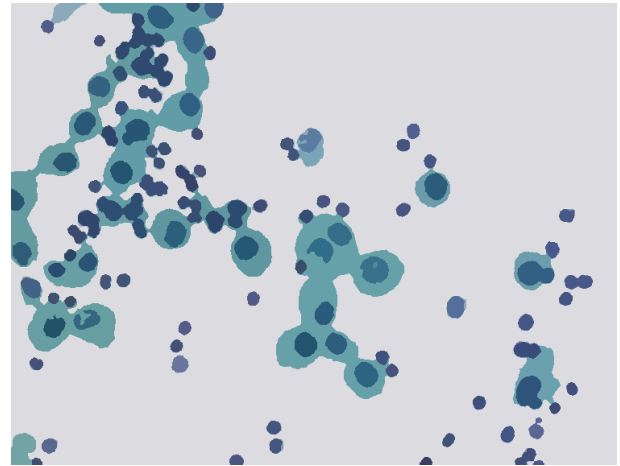


Figure 3: Image microscopique segmentée

⑥ Evaluation : La méthode d'évaluation que nous utilisons est basée sur un taux de classification amélioré et par conséquent adapté à notre étude (incluant pour chaque type d'objet de l'image, le nombre de pixels correctement identifiés ou non). Elle utilise une segmentation de référence et nous fournit un indice de qualité sur la reconnaissance du cytoplasme et du noyau.

Notre stratégie de segmentation est applicable à la segmentation d'objets couleur dans un milieu bruité et plus particulièrement adapté à la segmentation d'objets cellulaires. Nous obtenons en fin de traitement, un indice de qualité de 78.4 % pour le cytoplasme et de 76.1 % pour le noyau.