



HAL
open science

Comparaison de classifieurs non-supervisés pour la segmentation d'images couleur. Application en imagerie biomédicale

Cyril Meurie, Olivier Lezoray, Hubert Cardot, Abderrahim Elmoataz

► To cite this version:

Cyril Meurie, Olivier Lezoray, Hubert Cardot, Abderrahim Elmoataz. Comparaison de classifieurs non-supervisés pour la segmentation d'images couleur. Application en imagerie biomédicale. International Conference on Image and Signal Processing, 2003, Agadir, Morocco. pp.30-37. hal-00978505

HAL Id: hal-00978505

<https://hal.science/hal-00978505v1>

Submitted on 14 Apr 2014

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Comparaison de classifieurs non-supervisés pour la segmentation d'images couleur. Application en imagerie biomédicale

Cyril Meurie, Olivier Lezoray, Hubert Cardot, Abderrahim Elmoataz

LUSAC EA 2607 - Groupe Vision et Analyse d'Images,
BP 78, Site Universitaire, 50130 Cherbourg-Octeville, France
Tél. +33 (0)233014138 - Télécopie. +33 (0)233014135
E-mail: cyril.meurie@chbg.unicaen.fr

Abstract

In this paper, we propose to compare various unsupervised algorithms of pixel classification, and this, in various color spaces, for the segmentation of color images. This article is composed of three parts described thereafter. In the first one, we clarify the data processing sequence of our color segmentation. In the second part, we detail the classification of pixels and color watershed methods. In the last part, we evaluate the results of the segmentation by the Liu's method on images of bronchial cytology. Finally, we conclude that our technique of segmentation is adapted to the extraction of the cytoplasm of the cells.

Keywords: segmentation, classification, segmentation evaluation, color image

1 Introduction

Les laboratoires d'anatomie et de cytologie pathologiques traitent deux types d'examens : l'examen histologique qui examine des coupes de tissus colorés qui constituent les êtres vivants et l'examen cytologique qui examine l'étalement de cellules isolées provenant des prélèvements. En ce qui nous concerne, nous ne traitons que des examens de cytologie. Les cellules sont fixées puis colorées sur une lame de prélèvement afin d'éviter une dégénérescence et de mettre en évidence les différents constituants cellulaires. Celles-ci sont ensuite analysées par un expert en cytopathologie puis par un médecin. Cette étape relève du screening et consiste à analyser au microscope, toutes les cellules présentes sur une lame. Le but de cette étude est de repérer toutes les cellules et d'identifier toutes sortes d'anomalies et tout particulièrement les cellules cancéreuses. Cet examen doit permettre d'établir un diagnostic fiable, mais ce travail reste complexe, fatiguant, peu rapide et le résultat repose beaucoup sur le point de vue du cytopathologiste. Du fait de la difficulté de ce travail, des erreurs de screening sont possibles et dues à : des prélèvements non significatifs (mal faits ou mal fixés), une mauvaise interprétation, des erreurs ou omissions (par diminution de la vigilance du fait du faible taux de cellules suspectes ou anormales), un grand nombre de lames à analyser (monotonie du travail car le cytopathologiste peut avoir à étudier des centaines à des milliers de cellules par jour). Pour ces raisons, il peut être utile d'automatiser la détection de cellules suspectes ou anormales en utilisant un système semi-automatique et permettre ainsi d'apporter une aide au diagnostic en terme d'assurance qualité.

Ce système doit donc être capable d'extraire correctement les différents constituants cellulaires c'est-à-dire le cytoplasme et le noyau. Pour cela, nous proposons une méthode de segmentation basée sur une étape d'extraction de marqueurs et de localisation d'objets. L'extraction est réalisée par une classification de pixels non-supervisée, et la localisation des objets par une ligne de partage des eaux couleur. Les résultats de segmentation sont obtenus dans différents espaces couleur et à partir des algorithmes suivants: K-means, C-means, Fisher. Nous montrons ainsi que notre méthode de segmentation est adaptée à la segmentation d'objets faiblement texturés.

2 Segmentation couleur

Notre stratégie de segmentation se décompose en deux étapes définies ci-après (Figure 1) : l'extraction de marqueurs et la localisation d'objets, suivie d'une phase d'évaluation des résultats.

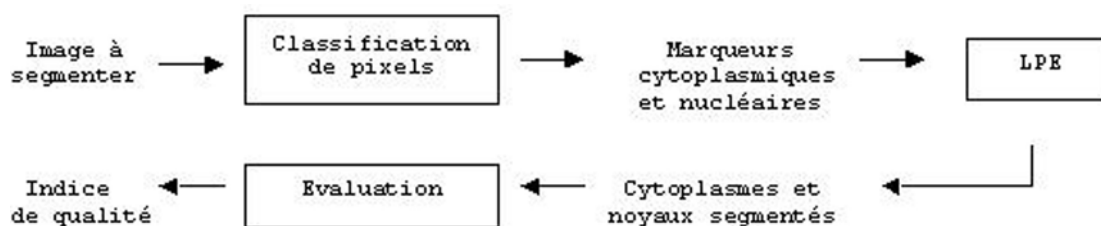


Figure 1. Méthode de segmentation générale.

- L'extraction de marqueurs est une pré-étape de la localisation. Nous traitons cette étape par une classification de pixels qui consiste à extraire grossièrement les objets que nous cherchons ensuite à localiser. Il n'est donc pas nécessaire d'avoir une précision extrême sur la délimitation de ces derniers. Une connaissance a priori de l'image et plus précisément des caractéristiques des objets à extraire permet d'utiliser des méthodes adaptées à la forme, la taille, la couleur, la texture. Nous utilisons des méthodes reposant sur la couleur car pour des images de cytologie, c'est la principale information a priori disponible.
- La localisation consiste à délimiter le plus précisément possible les régions de notre image obtenues à partir des marqueurs de l'étape précédente. Pour notre étude, nous avons utilisé une opération de morphologie mathématique appelée ligne de partage des eaux couleur [6] réalisant une croissance de régions avec comme critère d'arrêt le gradient.

3 Méthodes de segmentation

3.1 Classification de pixels

3.1.1 Influence du nombre de classes et du classifieur

Notre extraction de marqueurs s'effectuant par une classification de pixels non supervisée, nous avons testé trois classifieurs, K-means [9], C-means, et Fisher [4, 5] qui réalisent un partitionnement automatique des individus en k classes homogènes en utilisant l'information couleur (Figure 2). Nous verrons par la suite que nous utilisons deux méthodes de classification de pixels correspondant à une classification avec ou sans reclassement. Afin d'éviter l'obtention de résultats différents pour un même classifieur sur une même image, la position initiale des centres de gravité des classes est toujours identique. Ils sont uniformément répartis sur l'axe des niveaux de gris. Ceci permet d'assurer que le label affecté à une classe de pixels (noyaux, cytoplasme, fond) reste identique quels que soient les classifieurs et les images utilisés.

Le nombre de classes reste un paramètre déterminant pour l'extraction de nos marqueurs car il permet d'extraire le type d'objets désiré (Figure 3). Notre application nous demandant de reconnaître trois types d'objets (muccus, noyau, cytoplasme), ce paramètre devra être au moins égal à trois. Mais nous verrons par la suite qu'il peut être intéressant d'augmenter ce nombre de classes pour fusionner ensuite certaines d'entre elles et obtenir ainsi une meilleure extraction de nos marqueurs. Dans ce cas, les classes à fusionner sont déterminées automatiquement à partir des positions de leurs centres de gravité et de leur label.

3.1.2 Classification de pixels sans reclassement

La classification de pixels sans reclassement consiste à effectuer une classification sur l'image initiale afin d'obtenir d'une part les marqueurs cytoplasmiques et d'autre part les marqueurs nucléaires (Figures 4 et 5). Pour cela, nous faisons varier le nombre de classes du classifieur de 3 à 5 afin d'extraire de façon précise, les différents constituants cellulaires ainsi que les objets indésirables tels que le muccus.

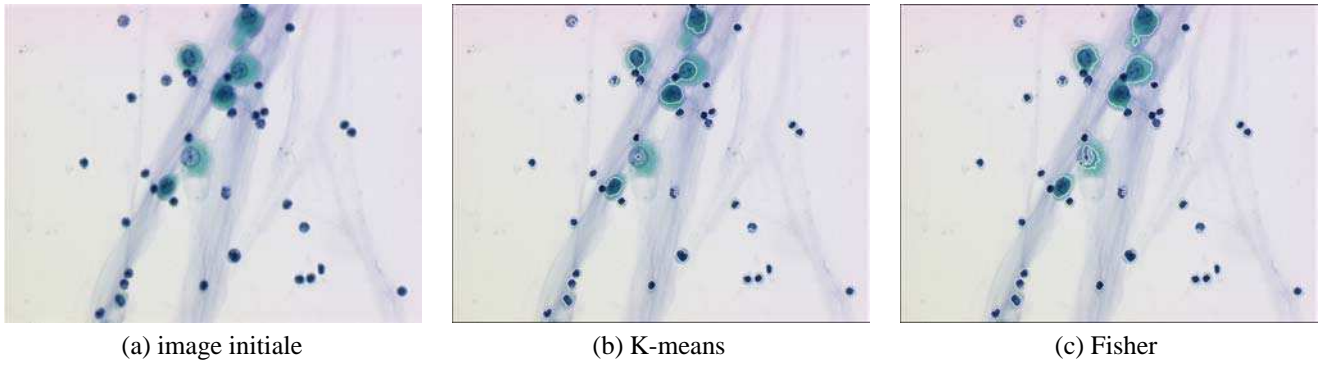


Figure 2. Segmentation obtenue avec deux classifieurs différents.

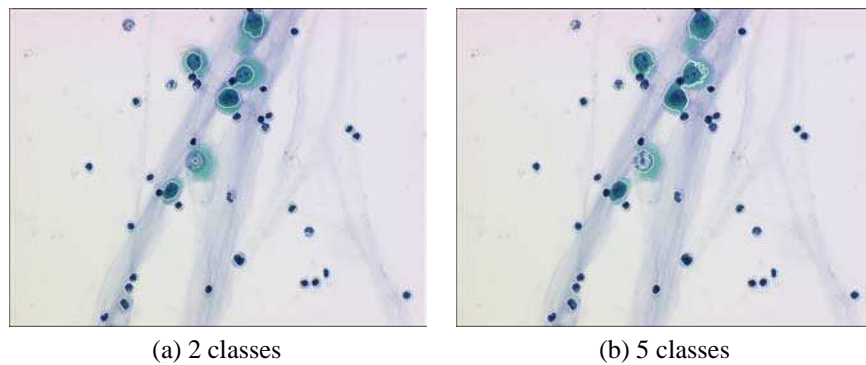


Figure 3. Influence du nombre de classes du classifieur.

3.1.3 Classification de pixels avec reclassement

La classification de pixels avec reclassement consiste à effectuer une première classification de pixels sur l'image initiale comme précédemment afin d'obtenir les marqueurs cytoplasmiques et l'extraction du mucus présent sur certaines images. La particularité intervient dans un deuxième temps, en effectuant une deuxième classification sur les pixels des régions cytoplasmiques déterminées auparavant afin d'extraire les noyaux (Figure 6 et 7). Pour les mêmes raisons que précédemment, nous faisons varier le nombre de classes de 3 à 5.

3.2 Ligne de Partage des Eaux couleur

A l'aide des marqueurs obtenus précédemment, nous cherchons à localiser précisément les contours des régions. Pour cela, nous utilisons une Ligne de Partage des Eaux couleur [12, 10] appelée plus communément LPE couleur (Figures 8 et 9). Celle-ci est composée de deux étapes [11].

- l'extraction de marqueurs servant comme germes à la croissance de la LPE,
- une croissance qui utilise les germes précédemment extraits pour propager les étiquettes dans l'image selon la fonction d'agrégation.

La LPE couleur utilisée dans cet article est définie selon une fonction d'agrégation spécifique. Cette fonction d'agrégation définit la probabilité d'agrégation d'un pixel à une région. Elle est basée sur deux informations principales décrivant l'information spatiale de l'image : une information locale exprimée par le gradient couleur et une information globale donnée par une mesure de la couleur moyenne des régions décrivant l'homogénéité globale de celles-ci. La fonction d'agrégation est définie par [6, 7]:

$$f(p, R) = (1 - \alpha) \|I(R) - I(p)\| + \alpha \|\nabla I(p)\|$$



Figure 4. Méthode de classification de pixels sans reclassement.

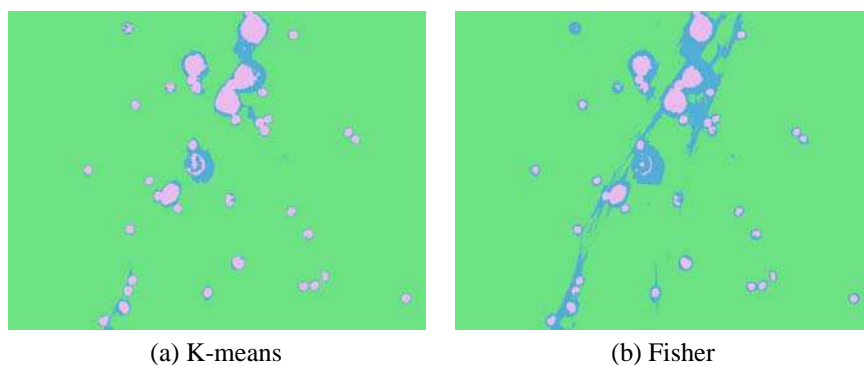


Figure 5. Classification de pixels sans reclassement.

où $I(R)$ dénote le vecteur donnant la couleur moyenne de la région R de l'image I , $I(p)$ le vecteur donnant la couleur d'un pixel P et $\nabla I(p)$ le gradient couleur. Cette fonction combine l'information locale (module du gradient couleur où ce gradient est calculé en utilisant le critère de Di Zenzo [3]) et l'information globale (résultant d'une comparaison statistique entre la couleur d'un pixel p et une région voisine R calculée avec la distance euclidienne). Durant le processus de croissance, chaque fois qu'un pixel est ajouté à une région R , la couleur moyenne de la région est mise à jour. L'image couleur et l'image gradient sont toutes deux normalisées afin que leurs valeurs soient dans la même gamme. α est un coefficient de pondération qui permet de modifier l'influence du critère local par rapport au critère global durant le processus de croissance. Il est généralement fixé selon la connaissance a priori sur l'image mais une segmentation adaptable qui modifie la valeur de ce paramètre à chaque itération de la croissance étant plus appropriée, c'est cette dernière méthode que nous avons utilisée (voir dans [7] pour plus de détails).

4 Résultats

4.1 Images de cytologie bronchique

Les images de cytologie bronchique sur lesquelles nous travaillons sont des images cellulaires microscopiques, constituées de cytoplasmes, noyaux, et parfois d'objets indésirables comme le mucus. La difficulté supplémentaire sur certaines de ces images est d'extraire ce mucus qui ne nous apporte aucune information afin de l'inclure dans le fond. Par opposition au fond, nous obtenons alors facilement les marqueurs cytoplasmiques. Nous devons ensuite chercher à extraire les objets de type noyau présents à l'intérieur des cytoplasmes.

Dans cette partie, nous présentons les résultats que nous avons obtenus sur une base de 12 images couleur de cytologie de tumeurs bronchiques présentant chacune des dizaines à des centaines de cellules. Les images testées sont des images couleur 24 bits de 574*752 pixels acquises par une plateforme normalisée. Notre traitement a été développé en C++, en utilisant la librairie de traitement d'images PANDORE [2]. Les tests ont été effectués sur une machine PC Pentium III cadencée à 450Mhz et équipée de 512Mo de RAM.

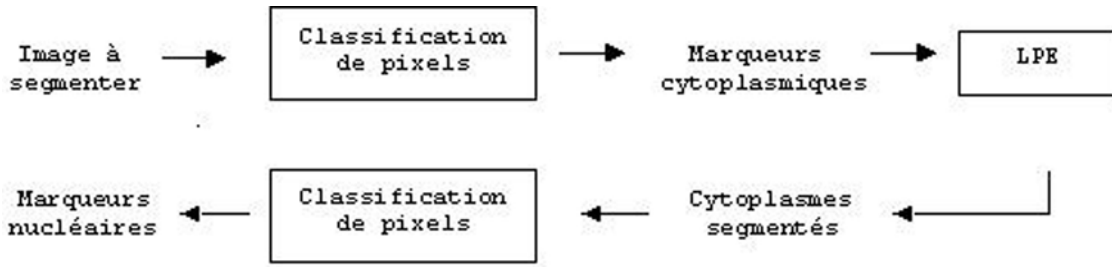


Figure 6. Méthode de classification de pixels avec reclassement.

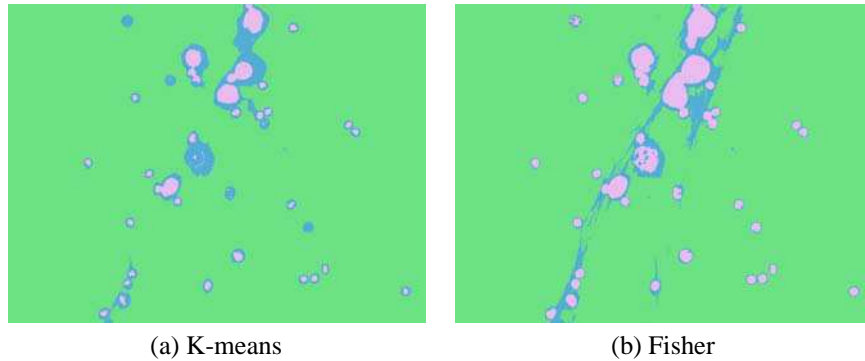


Figure 7. Classification de pixels avec reclassement.

4.2 Evaluation de la segmentation

Dans le cadre de l'étude de cellules anormales, dont le but est d'assurer une sécurisation du diagnostic, l'étape d'évaluation est très importante. C'est pourquoi, afin de comparer les résultats obtenus en fin de traitement et ce de façon quantitative, nous avons utilisé la méthode d'évaluation proposée par Liu [8] puis améliorée par Borsotti [1]. Cette méthode fournit un indice de qualité permettant la comparaison de segmentations entre-elles sans avoir à lui fournir une segmentation de référence. Mais elle ne prend pas en compte le temps de calcul de l'algorithme qui représente une information relativement importante. Nous tiendrons donc compte de ce temps de calcul en supplément de la méthode d'évaluation de Liu définie ci-dessous.

$$Q(I_M) = \frac{1}{1000 \cdot N \cdot M} \cdot \sqrt{R} \cdot \sum_{i=1}^R \frac{e_i^2}{1 + \log(A_i)}$$

avec I_M correspondant à l'image segmentée, $N.M$ la taille de l'image, R le nombre de régions de l'image segmentée, A_i l'aire de la $i^{\text{ème}}$ région, e_i l'erreur portant sur la couleur moyenne de la $i^{\text{ème}}$ région. Plus l'indice de qualité Q est faible, meilleure est la segmentation. Mais l'utilisation de cette méthode d'évaluation nécessite certaines précautions : les régions doivent être uniformes et homogènes. L'intérieur des régions doit être simple sans trop de trous, et les régions adjacentes doivent avoir des valeurs différentes.

4.3 Expérimentations

Nous présentons dans cette partie, les résultats obtenus avec les trois classificateurs que nous avons utilisés : K-means, C-means et Fisher. Ces algorithmes de classification de pixels reposant sur l'information couleur, nous les avons testés dans différents espaces nommés ci-après: RVB, HSL, XYZ, ACP, $I_1 I_2 I_3$, $Y C_B C_R$, YIQ, YUV, LUV, LAB, LCH (Tableaux 1 et 2). Notons cependant que l'algorithme de Fisher ne travaillant que sur une composante d'un espace couleur, nous avons

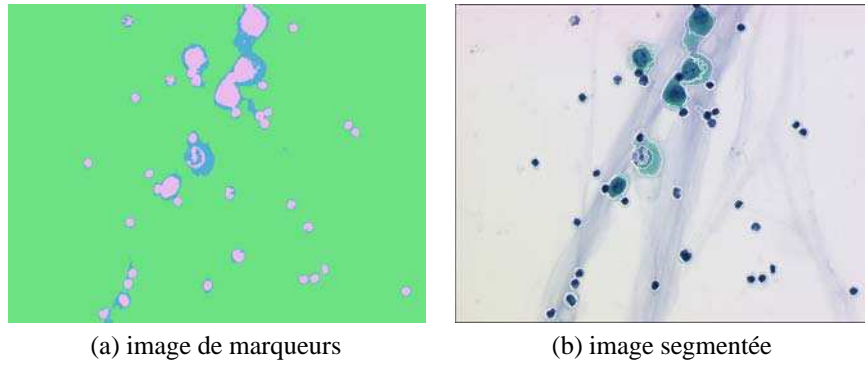


Figure 8. LPE couleur après classification sans reclassement.

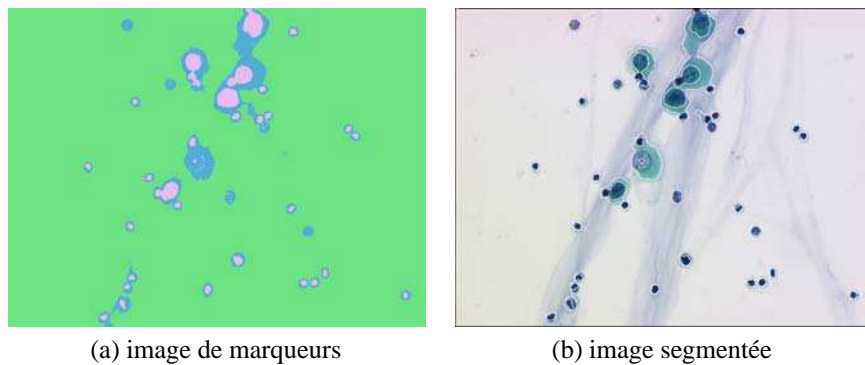


Figure 9. LPE couleur après classification avec reclassement.

décomposé pour celui-ci, l'espace utilisé en trois composantes. Nous avons dans chaque espace couleur, évalué la segmentation pour différents paramètres de notre classifieur. En ce qui concerne l'extraction du cytoplasme, nous avons testé notre segmentation avec un nombre de classes compris entre 3 et 5. Pour l'extraction du noyau, nous avons respectivement testé avec 4 et 5 classes pour une classification sans reclassement et 3, 4 et 5 classes pour une classification avec reclassement. En effet, ayant besoin de part notre application de reconnaître 3 types objets : le fond, le cytoplasme et le noyau, le choix d'un nombre de classes supérieur à trois a donc été abordé de sorte à obtenir une extraction plus fine des objets. Par cette méthode, nous pouvons par exemple voir apparaître pour 5 classes : du fond, du mucus, du cytoplasme, du noyau et des nucléoles. Il nous reste alors à fusionner les deux premières classes et les deux dernières pour obtenir ainsi de meilleurs marqueurs. Cependant, pour des questions de clarté, nous ne présentons que les résultats de chaque classifieur avec ses meilleurs paramètres. D'après les résultats présentés, nous pouvons affirmer que les K-means (avec 4 classes pour le cytoplasme et 4 classes en reclassement pour le noyau) et C-means (avec 4 classes pour le cytoplasme et 4 classes sans reclassement pour le noyau) donnent leurs meilleurs résultats dans l'espace XYZ. Cependant comme nous l'avons indiqué précédemment, il est important de prendre en compte le temps de calcul de l'algorithme. D'autant plus que notre application portant sur des images biomédicales impose un temps de traitement assez faible afin de pouvoir obtenir un diagnostic rapide. Dans ce cas, et étant donnée la similitude de ces résultats, les C-means sont à exclure de suite car la complexité de l'algorithme est en $O(N^2)$, par rapport aux K-means qui est en $O(N)$. Ceci a été vérifié puisque le traitement d'une image par les C-means prend 7 fois plus de temps que par les K-means. En ce qui concerne l'algorithme de Fisher, nous obtenons les meilleurs résultats sur la composante saturation de l'espace HSL (avec 3 classes pour le cytoplasme et 3 classes avec reclassement pour le noyau), mais nous pouvons nous rendre compte de par les images segmentées que l'extraction du noyau est moins bonne qu'avec les deux autres algorithmes (Figures 10 et 11). Nous voyons alors l'intérêt de travailler sur toute l'information couleur et non pas sur une composante comme le fait Fisher. Notons également que notre méthode de segmentation n'est pas adaptée à la segmentation des noyaux de par la texture de ces derniers, et leur large gamme de couleur. Nos marqueurs nucléaires n'étant pas bien extraits, et notre LPE couleur étant très sensible à l'initialisation de ces derniers, la segmentation des noyaux devient alors peu précise. Cependant, les cytoplasmes cellulaires étant peu texturés, notre méthode de segmentation donne sur eux

des résultats très satisfaisants.

Classifieur	k-means	C-means	Fisher (Composante 0)	Fisher (Composante 1)	Fisher (Composante 2)
RVB	6.543	6.607	6.746	9.206	9.182
HSL	109.747	59.016	88.790	4.080	9.007
XYZ	6.522	6.477	7.105	8.199	6.862
YIQ	8.105	8.081	7.628	19.365	81.275
YCBCR	7.906	7.806	7.466	43.943	19.606
YUV	8.000	7.793	7.468	44.576	7.468
III2I3	147.449	114.150	7.491	100.364	7.468
ACP	9.082	11.300	24.867	8.698	7.710
LCH	9.662	81.477	9.350	77.901	6.155
LAB	8.270	9.091	8.370	15.624	13.338
LUV	8.339	8.938	8.348	15.297	24.750

Table 1. Evaluation des classifieurs sous différents espaces de représentation sans reclassement.

Classifieur	k-means	C-means	Fisher (Composante 0)	Fisher (Composante 1)	Fisher (Composante 2)
RVB	6.465	7.081	6.713	7.636	8.538
HSL	21.252	21.804	33.386	3.388	8.392
XYZ	6.459	6.816	6.819	7.143	6.850
YIQ	7.152	8.536	6.875	14.276	38.934
YCBCR	7.513	7.915	6.842	22.141	14.847
YUV	7.553	7.883	6.841	8.367	8.307
III2I3	62.130	48.443	7.277	34.138	37.442
ACP	7.611	8.852	18.768	7.658	7.472
LCH	9.798	11.395	9.212	24.775	6.155
LAB	8.187	8.528	8.095	8.339	5.769
LUV	8.530	8.659	8.064	14.771	6.450

Table 2. Evaluation des classifieurs sous différents espaces de représentation avec reclassement.

5 Conclusion

Nous avons présenté dans cet article, différents algorithmes non-supervisés de classification de pixels (K-means, C-means, Fisher) dans différents espaces de représentation en vue de la segmentation d'images couleur. Cette classification de pixels a pour but d'obtenir des marqueurs servant d'étape d'initialisation d'une Ligne de Partage des Eaux couleur. Afin d'évaluer la qualité de notre segmentation, nous avons utilisé la méthode d'évaluation proposée par Liu. Mais cette dernière n'est pas toujours en accord avec l'évaluation visuelle des experts en cytopathologie. C'est pourquoi, il pourrait être intéressant de déterminer un critère de la qualité de la segmentation basé sur une segmentation de référence. Les résultats obtenus sur nos images biomédicales nous permettent d'en déduire que l'algorithme des K-means par rapport à celui des C-means apporte des résultats similaires pour un temps de calcul nettement plus court. L'algorithme de Fisher quant à lui n'a pas donné de résultats satisfaisants, ce qui était prévisible car il ne travaille que sur une composante d'un espace de représentation et n'utilise pas par conséquent toute l'information couleur. Cette étude a donc permis de montrer que notre méthode de segmentation est bien adaptée à la segmentation d'objets faiblement texturés (cytoplasmes). En ce qui concerne la segmentation d'objets fortement texturés (noyaux), une amélioration consisterait à utiliser une classification supervisée ou à coupler une classification de pixels à des outils de morphologie mathématique traitant de la forme et de la texture (travaux en cours) afin d'obtenir une extraction plus précise des marqueurs.

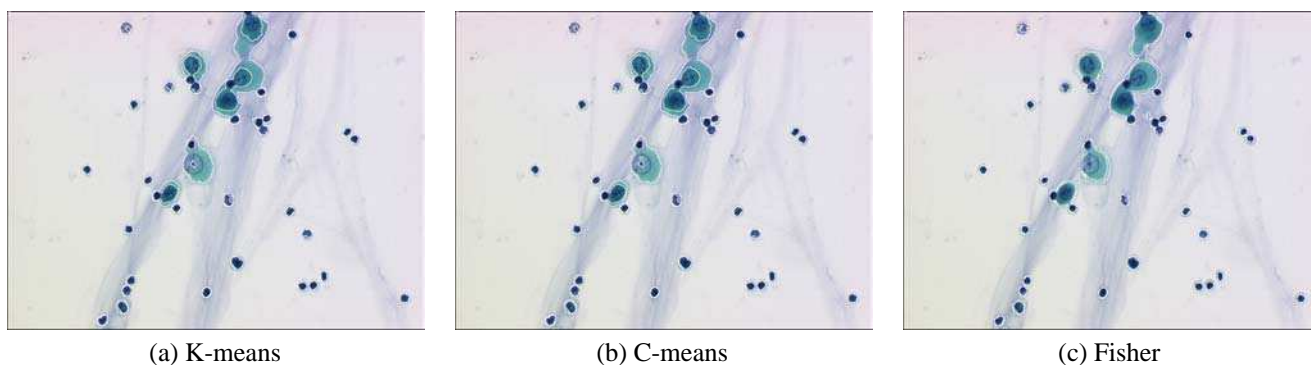


Figure 10. Meilleurs classifieurs.

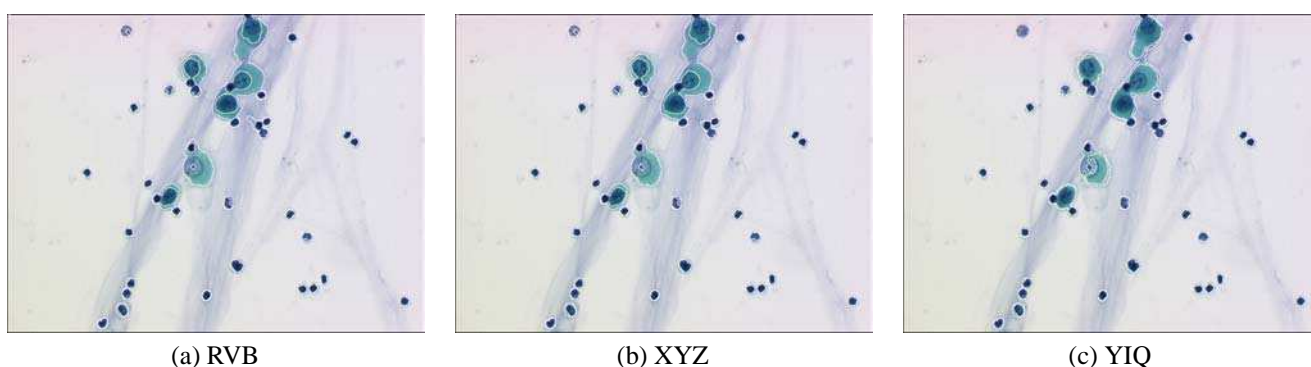


Figure 11. K-means dans les trois meilleurs espaces.

References

- [1] M. Borsotti, P. Campadelli, and R. Schettini. Quantitative evaluation of color image segmentation results. *Pattern recognition letters*, 19:741–747, 1998.
- [2] R. Clouard, A. Elmoataz, F. Angot, and O. Lezoray. Pandore: une bibliothèque et un environnement de programmation d’opérateurs de traitement d’images. Technical report, Greyc Caen, 1997.
- [3] S. DiZenzo. A note on the gradient of a multi-image. *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 33:116–126, 1986.
- [4] R. Fisher. The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Analys of Eugenics*, 7:179–188, 1936.
- [5] W. Fisher. On grouping for maximum homogeneity. *JASA*, 53:789–798, 1958.
- [6] O. Lezoray and H. Cardot. Cooperation of color pixel classification schemes and color watershed : a study for microscopical images. In *IEEE transactions on Image Processing*, volume 11-7, pages 783–789, 2002.
- [7] O. Lezoray and H. Cardot. Histogram and watershed based segmentation of color images. In *Proceedings of CGIV’2002*, pages 358–362, 2002.
- [8] Liu and Y.-H. Yang. Multiresolution color image segmentation techniques. *IEEE Transactions and Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 16:689–700, 1994.
- [9] J. MacQueen. Some methods for classification and analysis of multivariate observations. In *Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*, volume 1, pages 281–297, 1967.
- [10] F. Meyer. Color image segmentation. In *Proceedings of the International Conference on Image Processing and its Applications*, pages 303–306, 1992.
- [11] L. Shafarenko, M. Petrou, and J. Kittler. Automatic watershed segmentation of textured color images. *IEEE transactions on Image Processing*, 6(11):1530–1543, 1997.
- [12] L. Vincent and P. Soille. Watersheds in digital spaces : An efficient algorithm based on immersions simulations. *IEEE transactions on PAMI*, 13(16):583–598, 1991.