

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية  
الشعبية

**REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE**

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

**Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique**

جامعة أبي بكر بلقايد - تلمسان -

Université Aboubakr Belkaïd – Tlemcen –

Faculté de TECHNOLOGIE



**THESE**

Présentée pour l'obtention du **grade de DOCTORAT 3<sup>ème</sup> Cycle**

**En** : Génie Biomédical

**Spécialité** : Imagerie Médicale

**Par** : BEN KHELFALLAH Amel

**Sujet**

**Segmentation et Analyse des images OCT de la rétine pour l'étude de la  
variabilité rétinienne**

Soutenue publiquement, le 23/10/2022, devant le jury composé de :

M. HADJ SLIMANE Zinedine	Professeur	Univ. Tlemcen	Président
M. MESSADI Mahammed	Professeur	Univ. Tlemcen	Directeur de thèse
M. LAZOUNI Mohammed El Amine	MCA	Univ. Tlemcen	Co- Directeur de thèse
M. BOUKLI HACENE Ismail	MCA	Univ. Tlemcen	Examineur 1
M. AMMAR Mohammed	MCA	Univ. Boumerdes	Examineur 2
M. CHIALI Elyas	Ophtalmologue		Invité

*Je dédie ce travail à :*

*Ma tendre mère ;*

*Mon cher père ;*

*Mes chères sœurs ;*

*La mémoire de ma très chère grand-mère maternelle « Hadja Khadija » qui sera toujours  
dans mon esprit ;*

*Tout ma famille chacun de son nom ;*

*Et à tous mes amis,*

*Qu'ils trouvent ici l'expression de toute ma reconnaissance.*

## ***Remerciements***

*Je remercier tout d'abord Allah le tout-puissant qui m'a donné le courage, la patience et surtout la volonté de mener à bien ce travail.*

L'achèvement de ce travail mené sur plusieurs années procure une grande satisfaction. Il est l'occasion de se remémorer les différentes embûches qu'il a fallu surmonter mais surtout les personnes qui m'ont permis d'en arriver là.

En premier lieu, je tiens à exprimer mes remerciements les plus vifs et les plus sincères à mon directeur de thèse, Monsieur **MESSADI Mahammed**, Professeur à l'Université de Tlemcen, pour m'avoir offert l'opportunité de réaliser mon doctorat et pour m'avoir très précisément guidé tant sur les aspects techniques que rédactionnels. Ce fut un réel plaisir de l'avoir comme directeur de thèse. Ce travail a été accompli grâce à ses encouragements, ses conseils et son soutien sans faille. La confiance qu'il m'a témoignée m'a permis de persévérer et de franchir les périodes les plus délicates de ces années de recherche.

Mes remerciements s'adressent ensuite à mon co-directeur de thèse, Monsieur **LAZOUNI Mohammed El Amine**, maître de conférences à l'Université de Tlemcen, pour m'avoir apporté son aide sincère et son temps précieux. Ses conseils avisés tout au long de mon parcours de thèse m'ont permis d'enrichir ce travail.

J'aimerais également remercier toute l'équipe de la clinique d'ophtalmologie **LAZOUNI** pour son accueil chaleureux et son étroite collaboration dans la collecte des données et la validation des résultats. L'atteinte de ces objectifs n'aurait pas été possible sans leur aide très appréciable. Que ce travail soit pour nous l'occasion de vous exprimer notre admiration et notre gratitude.

Un grand merci à Monsieur, **HADJ SLIMANE Zinedine**, Professeur à l'Université de Tlemcen, qui m'a fait l'honneur de présider mon jury. Veuillez trouver ici, monsieur, le témoignage de notre vive gratitude, haute considération et profond respect.

Je voudrais également remercier Monsieur, **AMMAR Mohammed**, maître de conférences à l'Université de Boumerdes et Monsieur, **BOUKLI HACENE Ismail**, maître de conférences à l'Université de Tlemcen, pour avoir aimablement accepté d'examiner ce modeste travail. C'est un grand honneur pour nous de vous compter parmi les membres du jury. Que ce travail soit le témoin de nos sincères remerciements et de notre profonde gratitude.

Je tiens également à mentionner le plaisir que j'ai eu à travailler dans notre laboratoire de génie biomédical. Une mention spéciale à tous les thésards et les autres membres du laboratoire pour la bonne ambiance de travail mais également pour les nombreux bons moments passé ensemble. Je leur souhaite à tous bonne chance pour la suite.

Enfin, je ne pourrais finir ces remerciements sans penser à ma famille dont l'affection, l'amour, le soutien et l'encouragement constants m'ont été d'un grand réconfort et ont contribué à l'aboutissement de ce travail. À mes très chers parents, qu'Allah les bénisses, et mes chères sœurs, qui ont su croire en moi et qui m'ont apporté toute leur aide quand j'en ai eu besoin. Cette thèse leur est dédié à 200%. Une dernière pensée particulière pour ma grande sœur **Malika** qui a su être à mes côtés à chaque instant de ma vie, et qui a partagé tous les grands moments de mon existence, je remercie dieu de m'avoir offert un tel présent... Merci du fond du cœur.

Bien entendu, cette liste n'est pas exhaustive et je remercie tous ceux et celles qui me connaissent et qui me permettent de me sentir exister...

*Merci à toutes et à tous.*

## Résumé

La tomographie par cohérence optique (OCT) est une méthode d'imagerie biomédicale basée sur l'interférométrie à faible cohérence permettant de visualiser les structures rétinienne avec une grande précision. En particulier, avec les progrès récents de l'OCT dans le domaine spectral (SD-OCT), une résolution plus élevée et davantage de données ont été acquises pour le diagnostic clinique. Mais en l'absence d'une approche de quantification rapide et précise pour un plus grand nombre de données, il n'est pas pratique pour les ophtalmologistes ou les cliniciens de diagnostiquer directement les maladies de la rétine en utilisant l'épaisseur totale de la rétine ou l'épaisseur de la couche de fibres nerveuses qui sont fournies par le système OCT. Par conséquent, il devient de plus en plus impératif de disposer d'une approche de segmentation automatique des couches rétinienne dans les images OCT pour le diagnostic clinique ou l'investigation.

C'est dans ce contexte que le premier objectif de ce travail de thèse s'inscrit, où nous proposons une nouvelle méthode de segmentation d'images OCT de sujets sains qui se base sur la théorie des graphes et la programmation dynamique. Cette méthode exploite des connaissances a priori sur la structure et l'apparence des couches rétinienne. Une autre originalité de notre approche est qu'elle nous permet de traiter efficacement des sources de problèmes antérieures, notamment la fusion des couches au niveau de la fovéa, la réflectivité inégale des tissus et l'hypo-réflectivité des vaisseaux. Les résultats montrent que cette méthode segmente avec précision sept limites de couches rétinienne dans des yeux normaux, de façon plus proche d'un expert.

Deux lésions maculaires majeures font l'objet de recherches intensives, à savoir la dégénérescence maculaire liée à l'âge (DMLA) et l'œdème maculaire diabétique (OMD), car elles sont à l'origine de la majorité des pertes de vision irréversibles. Leurs signes les plus significatifs sont l'apparition d'exsudats et l'accumulation de liquide, induisant ainsi la modification de la structure de la couche rétinienne. Il est donc crucial de les détecter à un stade précoce pour traiter l'œil à temps et prévenir toute perte de vision. C'est dans ce cadre que s'inscrit le deuxième objectif de cette thèse, où nous avons construit un nouveau modèle hybride nommé algorithme de clustering K-moyennes basé sur la génétique (*Genetic-based K-Means (GBKM) clustering algorithm*) qui combine l'efficacité et la capacité de recherche locale de l'algorithme K-moyennes avec la capacité d'améliorer de l'algorithme génétique afin d'améliorer la qualité de la segmentation et d'obtenir un meilleur effet de clustering. L'approche proposée est évaluée sur une base de données de plus de 100 images par un protocole de

validation quantitative diversifié afin de juger de sa qualité. Les résultats obtenus sont efficaces et prometteurs par rapport à ceux présentés dans la littérature.

**Mots clés :** Tomographie Par Cohérence Optique, Couches rétiniennes, Segmentation automatique, Théorie des graphes ; Dégénérescence Maculaire Liée à l'âge ; Œdème Maculaire Diabétique ; Extraction De Caractéristiques ; Classification ; Algorithmes Génétiques.

## Abstract

Optical coherence tomography (OCT) is a biomedical imaging method based on a low-coherence interferometric method that allows visualization of retinal structures with high accuracy. In particular, with recent advances in spectral-domain OCT (SD-OCT), higher resolution and more data have been obtained for clinical diagnosis. But in the absence of a fast and accurate quantification approach for larger amounts of data, it is not practical for ophthalmologists or clinicians to directly diagnose retinal diseases using the total retinal thickness or nerve fiber layer thickness that are provided by the commercial OCT system. Therefore, it is becoming more and more imperative to have an automatic segmentation approach of retinal layers in OCT images for diagnosis or clinical investigation.

It is in this context that the first objective of this thesis is to propose a new method for the segmentation of OCT images of healthy subjects based on graph theory and dynamic programming. This method exploits a priori knowledge about the structure and appearance of retinal layers. Another originality of our approach is that it allows us to efficiently deal with previous sources of problems, including layer fusion at the fovea, uneven tissue reflectivity and vessel hypo-reflectivity. The results show that this method accurately segments seven retinal layer boundaries in normal eyes in an expert manner.

Two major macular lesions are the subject of intensive research, namely age-related macular degeneration (AMD) and diabetic macular edema (DME), as they cause the majority of irreversible vision loss. Their most significant signs are the appearance of exudates and the accumulation of fluid, leading to the modification of the structure of the retinal layer. It is therefore crucial to detect them at an early stage in order to treat the eye in time and avoid any loss of vision. This is the context of the second objective of this thesis, where we have built a new hybrid model called Genetic-based K-means (GBKM) clustering algorithm that combines the efficiency and local search capability of the K-means algorithm with the enhanced global optimization capability of the genetic algorithm to improve the segmentation quality and achieve a better clustering effect. The proposed approach is evaluated on a database of more than 100 images by a diverse quantitative validation protocol to judge its quality. The results obtained are effective and promising compared to those presented in the literature.

**Key words:** Optical Coherence Tomography; Retinal layers; Automatic segmentation; Graph theory; Age-related macular degeneration; Diabetic macular edema; Feature extraction; Classification; Genetic algorithms.

## ملخص

التصوير المقطعي للتماسك البصري (OCT) هو طريقة تصوير طبي حيوي تعتمد على طريقة قياس تداخل منخفضة التماسك تسمح بتصوير هياكل الشبكية بدقة عالية. على وجه الخصوص، مع التطورات الحديثة في المجال الطيفي (SD-OCT)، تم الحصول على دقة أعلى والمزيد من البيانات للتشخيص السريري. ولكن في حالة عدم وجود نهج كمي سريع ودقيق لكميات أكبر من البيانات، فإنه من غير العملي لأطباء العيون أو الأطباء أن يقوموا بتشخيص أمراض الشبكية بشكل مباشر باستخدام السماكة الكلية للشبكية العين التي يتم توفيرها بالنظام OCT التجاري. لذلك، يصبح من الضروري أكثر فأكثر أن يكون لديك نهج تجزئة تلقائي لطبقات الشبكية في صور OCT للتشخيص أو الفحص السريري.

في هذا السياق، يتمثل الهدف الأول لهذه الأطروحة في اقتراح طريقة جديدة لتقسيم صور OCT للمرضى الأصحاء بناءً على نظرية الرسم البياني والبرمجة الديناميكية. تستغل هذه الطريقة المعرفة المسبقة حول بنية ومظهر طبقات الشبكية. أصالة أخرى في نهجنا هي أنه يجعل من الممكن معالجة مصادر المشاكل الأمامية بشكل فعال، ولا سيما اندماج الطبقات عند النقرة، والانعكاسية غير المتكافئة للأنسجة وانعكاسية الأوعية الدموية. أظهرت النتائج أن هذه الطريقة يمكن أن تفصل بدقة سبعة حدود لطبقة شبكية العين في العيون العادية.

تخضع اثنتان من الآفات البقعية الرئيسية لبحوث مكثفة، وهما الضمور البقعي المرتبط بالعمر (AMD) والوذمة البقعية السكري (DME)، حيث أنها مصدر غالبية فقدان البصر الذي لا رجعة فيه. أهم علاماتها ظهور الإفرازات وتراكم السوائل، مما يؤدي إلى تشوه بنية طبقة الشبكية. لذلك من الضروري اكتشافها في مرحلة مبكرة من أجل علاج العين في الوقت المناسب وتجنب أي فقدان للرؤية. ضمن هذا الإطار قمنا ببناء نموذج هجين جديد يسمى خوارزمية K-mean clustering المستندة إلى الجينات (GBKM) والتي تجمع بين الكفاءة وقدرة البحث المحلية لخوارزمية K-mean مع قدرة الصقل للخوارزمية الجينية لتحسين جودة التجزئة وتحقيق تأثير تجميع أفضل. يتم تقييم النهج المقترح على قاعدة بيانات تضم أكثر من 100 صورة من خلال بروتوكول التحقق الكمي المتنوع للحكم على جودته. النتائج التي تم الحصول عليها فعالة وواعدة مقارنة بتلك المعروضة في الأدبيات.

**الكلمات المفتاحية:** التصوير المقطعي للتماسك البصري، طبقات الشبكية، تجزئة تلقائية، نظرية الرسم البياني، الضمور البقعي، الوذمة البقعية السكرية، ميزة استخراج، تصنيف، الخوارزميات الجينية.



# Table des matières

RESUME .....	V
ABSTRACT .....	VII
ملخص .....	VIII
TABLE DES MATIERES .....	IX
LISTE DE FIGURES .....	XII
LISTE DE TABLEAUX .....	XVI
INTRODUCTION GENERALE .....	1
CHAPITRE 1 .....	6
IMAGERIE DE L'ŒIL PAR TOMOGRAPHIE DE COHERENCE OPTIQUE .....	6
1.1. INTRODUCTION .....	7
1.2. ANATOMIE DE L'ŒIL .....	7
1.2.1. <i>Bulbe oculaire</i> .....	7
1.3. PATHOLOGIE RETINIENNES .....	14
1.3.1. <i>Dégénérescence maculaire liée à l'âge (DMLA)</i> .....	15
1.3.2. <i>Œdème maculaire diabétique (OMD)</i> .....	20
1.4. TECHNIQUES D'IMAGERIE RETINIENNE .....	26
1.4.1. <i>L'angiographie rétinienne</i> .....	27
1.4.2. <i>La tomographie en cohérence optique (OCT)</i> .....	27
1.5. CONCLUSION .....	33
CHAPITRE 2 .....	34
ETAT DE L'ART SUR LA SEGMENTATION D'IMAGES OCT DE LA RETINE .....	34
2.1. INTRODUCTION .....	35
2.2. ETAT DE L'ART SUR LA SEGMENTATION D'IMAGES OCT DE LA RETINE .....	35
2.2.1. <i>Prétraitements</i> .....	36

2.2.2.	<i>Segmentation des couches rétiniennes et des interfaces</i> .....	39
<b>CHAPITRE 3</b> .....		<b>47</b>
<b>SEGMENTATION DES COUCHES RETINIENNES CHEZ DES SUJETS SAINS</b> .....		<b>47</b>
3.1.	INTRODUCTION .....	48
3.2.	SYSTEME D'ANALYSE ET DE SEGMENTATION DES IMAGES OCT DE LA RETINE PROPOSEE .....	49
3.2.1.	<i>Évaluation de la qualité de l'image</i> .....	49
3.2.2.	<i>Segmentation et analyse des images OCT de la rétine saine</i> .....	50
3.2.3.	<i>Segmentation et analyse des images OCT de la rétine pathologique</i> .....	50
3.3.	DESCRIPTION DES BASES DE DONNEES.....	51
3.3.1.	<i>Description de la base de données reconstruite</i> .....	51
3.3.2.	<i>Description de la base de données standard</i> .....	54
3.4.	SEGMENTATION DES COUCHES RETINIENNES CHEZ DES SUJETS SAINS .....	55
3.4.1.	<i>Méthode proposée</i> .....	56
3.4.2.	<i>Résultats et discussions</i> .....	67
3.5.	CONCLUSION .....	76
<b>CHAPITRE 4</b> .....		<b>78</b>
<b>SEGMENTATION DES COUCHES RETINIENNES CHEZ DES SUJETS PATHOLOGIQUES</b> .....		<b>78</b>
4.1.	INTRODUCTION .....	79
4.2.	IDENTIFICATION DE LA DEGENERESCENCE MACULAIRE LIEE (DMLA) A L'AGE A L'AIDE D'IMAGES OCT .....	80
4.2.1.	<i>Problématique et contribution</i> .....	80
4.2.2.	<i>Méthode proposée</i> .....	81
4.2.3.	<i>Résultats et discussions</i> .....	92
4.3.	DETECTION DE LA DMLA ET DE L'OMD A L'AIDE D'UN ALGORITHME DE SEGMENTATION K-MOYENNES OPTIMISE....	96
4.3.1.	<i>Problématique et contribution</i> .....	96
4.3.2.	<i>Méthode proposée</i> .....	97
4.3.3.	<i>Résultats et discussions</i> .....	115

CONCLUSION GENERAL .....	147
BIBLIOGRAPHIES .....	149

# Liste de figures

FIGURE. 1.1. SCHEMA ANATOMIQUE DE L'ŒIL. ....	8
FIGURE. 1.2. COUCHES CELLULAIRES DE LA RETINE. [1].....	11
FIGURE. 1.3. SCHEMA EN COUPE DE LA RETINE CENTRALE : LA MACULA.[2].....	13
FIGURE. 1.4. SCHEMA DESCRIPTIF DU SEGMENT ANTERIEUR ET POSTERIEUR DE L'ŒIL.....	14
FIGURE. 1.5. REPRESENTATION SCHEMATIQUE DE LA PATHOGENIE DE LA DMLA.[7].....	16
FIGURE. 1.6. APERÇU DE LA DMLA DANS LE MONDE. ....	17
FIGURE. 1.7. ESTIMATIONS DE LA PREVALENCE DE LA DMLA PAR GROUPE D'AGE.[3].....	17
FIGURE. 1.8. DMLA NON COMPLIQUEE, FORME DEBUTANTE, DRUSES.....	18
FIGURE. 1.9. DMLA COMPLIQUEE, FORME ATROPHIQUE.....	19
FIGURE. 1.10. DMLA COMPLIQUEE, FORME EXSUDATIVE (NEO-VASCULAIRE). ....	20
FIGURE. 1.11. PHYSIOPATHOLOGIE DE L'ŒDEME MACULAIRE DU DIABETIQUE. [21].....	22
FIGURE. 1.12. UNITE NEURO-VASCULAIRE DE LA RETINE DANS DES CONDITIONS NON DIABETIQUES ET DIABETIQUES.[24].....	23
FIGURE. 1.13. ŒDEME MACULAIRE FOCAL.....	25
FIGURE. 1.14. OMD SEVERE EN NIDS D'ABEILLES. ....	26
FIGURE. 1.15. COMPARAISON DE LA RESOLUTION ET DES PROFONDEURS D'IMAGERIE DE L'OCT AVEC CELLES DES TECHNIQUES ALTERNATIVES.....	28
FIGURE. 1.16. PRINCIPE DE FONCTIONNEMENT DU TD-OCT.[36].....	29
FIGURE. 1.17. FONCTIONNEMENT GENERAL DE FD-OCT.....	31
FIGURE. 1.18. IMAGE FD-OCT DE LA MACULA D'UN ŒIL SAIN. ....	32
FIGURE. 3.1. SYNOPSIS DE L'ALGORITHME GENERAL DE L'ANALYSE ET DE SEGMENTATION DES IMAGES OCT DE LA RETINE.....	49
FIGURE 3.2. REPARTITION DE LA BASE DE DONNEES SELON LE SEXE.....	52
FIGURE 3.3. REPARTITION DE NOTRE BASE DE DONNEES SELON L'AGE. ....	53
FIGURE 3.4. ÉTAT DE SANTE PERÇU SELON LE SEXE DE LA POPULATION DE LA BASE DE DONNEES.....	53
FIGURE 3.5. EXEMPLES D'IMAGES DE LA BASE DE DONNEES RECONSTRUITE.....	54

FIGURE 3.6. EXEMPLES D'IMAGES DE LA BASE DE DONNEES SRINIVASAN BOE_2014 .....	55
FIGURE 3.7. ORGANIGRAMME DE SEGMENTATION DES COUCHES RETINIENNES CHEZ DES SUJETS SAINS.....	57
FIGURE 3.8. ILLUSTRATION D'UNE GAUSSIENNE .....	59
FIGURE 3.9. FILTRAGE DES IMAGES OCT.....	60
FIGURE 3.10. ALIGNEMENT DE L'IMAGE. (A) L'IMAGE RETINIENNE SDOCT ORIGINALE. (B) L'IMAGE ALIGNEE. ....	61
FIGURE 3.11. EXEMPLE DE REPRESENTATION DU GRAPHE PONDEREE NON DIRIGEE D'UNE IMAGE .....	62
FIGURE 3.12. IMAGES DE GRADIENT UTILISEES POUR CALCULER LES POIDS DU GRAPHIQUE DE LA FIGURE 3.10. B.....	64
FIGURE 3.13. UN EXEMPLE DE SEGMENTATION UTILISANT L'INITIALISATION AUTOMATIQUE DES POINTS D'EXTREMITÉ. ....	65
FIGURE 3.14. EXEMPLE DE PONDERATIONS DE GRAPHE (MATRICE D'ADJACENCE) POUR TROIS NŒUDS CONNECTES.....	66
FIGURE 3.15. RESULTAT FINAL DE LA SEGMENTATION DES COUCHES RETINIENNES PAR LA METHODE PROPOSEE.....	67
FIGURE 3.16. EXEMPLES DE RESULTATS DE SEGMENTATION DES COUCHES RETINIENNES CHEZ DES SUJETS SAINS .....	68
FIGURE 3.17. PROCESSUS DE LOCALISATION DE FOVEOLA.....	69
FIGURE 3.18. LOCALISATION DE LA FOVEOLA. ....	70
FIGURE 3.19. PROCESSUS DE LOCALISATION DE FOVEOLA.....	70
FIGURE 3.20. PROCESSUS DE LOCALISATION DE CLIVUS. ....	71
FIGURE 3.21. ALIGNEMENT ET DETERMINATION DU CLIVUS. ....	71
FIGURE 3.22. CALCUL DE LA DISTANCE FOVEALE.....	72
FIGURE 3.23. CALCUL DES DISTANCES AU CLIVUS.....	73
FIGURE 3.24. CALCUL DES DISTANCES AU CLIVUS.....	74
FIGURE 3.25. INTERVALLES DES MESURES DEDUITES DES SEGMENTATIONS AUTOMATIQUES ET MANUELLES .....	76
FIGURE 4.1. PROCESSUS PROPOSE POUR L'EXTRACTION DES COUCHES ET LA CLASSIFICATION DES IMAGES. ....	82
FIGURE 4.2. FILTRAGE DES IMAGES OCT, (A) L'IMAGE SAINNE ORIGINALE (B) L'IMAGE SAINNE FILTREE (C) L'IMAGE DMLA ORIGINALE (D) L'IMAGE DMLA FILTREE. ....	84
FIGURE 4.3. ORGANIGRAMME DE L'ALGORITHME DE CLUSTERING K-MOYENNES. ....	86
FIGURE 4.4. REPRESENTATION DES RESULTATS DE LA DETECTION DU COMPLEXE HRC POUR CAS SAIN. ....	87
FIGURE 4.5. REPRESENTATION DES RESULTATS DE LA DETECTION DU COMPLEXE HRC POUR CAS PATHOLOGIQUE. ....	88

FIGURE 4.6. ....	89
FIGURE 4.7. ECHANTILLONNAGE DE LA COUCHE HRC EXTRAITE POUR LES IMAGES SAINES (EN HAUT) ET POUR LES IMAGES AFFECTEES PAR LA DMLA (EN BAS) .....	91
FIGURE 4.8. RESULTATS DE DETECTION DU COMPLEXE HRC POUR LES CAS SAINS. ....	92
FIGURE 4.9. RESULTATS DE DETECTION DU COMPLEXE HRC POUR LES CAS PATHOLOGIQUES. ....	93
FIGURE 4.10. METHODE PROPOSEE POUR EXTRAIRE LES MALADIES DMLA ET OMD.....	98
FIGURE 4.11. SCHEMA DE L'ALGORITHME BM3D. [132] .....	99
FIGURE 4.13. CLASSIFICATION DES TECHNIQUES D'OPTIMISATION (ADAPTE DE [133]). ....	101
FIGURE 4.14. SCHEMA FONCTIONNEL DE L'ALGORITHME GENETIQUE.....	106
FIGURE 4.15. DIAGRAMME SCIENTIFIQUE DE LA METHODE DE SELECTION DE LA ROULETTE. [136] .....	109
FIGURE 4.16. FONCTIONNEMENT DE L'OPERATEUR DE CROISEMENT A UN POINT.....	110
FIGURE 4.17. ILLUSTRATION DES OPERATEURS DE CROISEMENT UNIFORME ET DE MUTATION UNIFORME. ....	111
FIGURE 4.20. METHODE DU COUDE POUR LA SELECTION DES K CLUSTERS OPTIMAUX EN UTILISANT LE CRITERE WCSS.....	119
FIGURE 4.21. ELBOW METHOD FOR SELECTION OF OPTIMAL K CLUSTERS USING DAVIES–BOULDIN INDEX .....	120
FIGURE 4.22. UN EXEMPLE DE FORMATION DU GLCM.....	122
FIGURE 4.23. LES QUATRE DIRECTIONS DANS LE GLCM.....	122
FIGURE 4.24. CLASSIFICATION DES DONNEES PAR UNE MACHINE A VECTEURS DE SUPPORT (SVM). ....	125
FIGURE 4.26. NOYAU APPLIQUE AUX SVM DANS LE CAS DE DONNEES NON LINEAIREMENT SEPARABLES. ....	127
FIGURE 4.27. PRINCIPE DE FONCTIONNEMENT DU K-NEST NEIGHBOR.....	128
FIGURE 4.28. ALGORITHME DE CLASSIFICATION PAR ARBRE DE DECISION POUR L'APPRENTISSAGE AUTOMATIQUE. ....	129
FIGURE 4.29. DETERMINATION DE LA FRONTIERE ENTRE LES CLASSES EN PRENANT L'ENSEMBLE DES POINTS OU LES PROBABILITES SONT EGALES. ....	132
FIGURE 4.30. ANALYSE DISCRIMINANTE LENIAIRE : LES DISTRIBUTIONS ONT TOUTES LA MEME FORME.....	132
FIGURE 4.31. ANALYSE DISCRIMINANTE QUADRATIQUE: LES DISTRIBUTIONS NE SONT PAS DE LA MEME FORME.....	133
FIGURE 4.32. SCHEMA DESCRIPTIF DE LA TECHNIQUE DE VALIDATION CROISEE UTILISEE. ....	134
FIGURE 4.33. MATRICE DE CONFUSION COMPORTANT 3 CLASSES. ....	136
FIGURE 4.34. RESULTATS DE LA MATRICE DE CONFUSION SUR LE JEU DE DONNEES DE TEST POUR LES CINQ CLASSIFIEURS. ....	137

FIGURE 4.35. HISTOGRAMME DE L'EVOLUTION DES MESURES DE PERFORMANCE POUR LES DIFFERENTS CLASSIFICATEURS. .... 141

FIGURE 4.36. REPRESENTATION DES COURBES POUR LA COMPARAISON DES PERFORMANCES DES CLASSIFICATEURS. .... 143

# Liste de tableaux

TABLEAU 1.1. DEFINITION DES COUCHES RETINIENNES.....	31
<b>TABLEAU 4.1. NOMBRE MOYEN DE PIXELS POUR LES IMAGES OCT SAINES.....</b>	<b>94</b>
<b>TABLEAU 4.2. NOMBRE MOYEN DE PIXELS POUR LES IMAGES OCT AFFECTEES PAR LA DMLA.....</b>	<b>94</b>
TABLEAU 4.3. SOMME DES ERREURS CARREES A L'INTERIEUR DU CLUSTER ET INDICE DB DU RESULTAT DE CLUSTERING PRODUIT PAR GBKM ET K MOYENS.....	118
<b>TABLEAU 4.4. COMBINAISON DES DECALAGES D'ORIENTATION AVEC LES DISTANCES.....</b>	<b>122</b>
TABLEAU 4.5. PRECISION GLOBALE DE LA CLASSIFICATION CALCULEE PAR VALIDATION CROISEE.....	134
TABLEAU 4.6. COMPARAISON AVEC D'AUTRES ETUDES EXISTANTES.....	144



## **Introduction générale**

Les progrès techniques et les révolutions technologiques améliorent et étendent continuellement notre capacité à obtenir des informations sur le corps sous la forme d'images médicales, constituent actuellement environ 90% des données dans le domaine des soins de santé. La demande d'imagerie médicale ne cesse de croître, augmentant le volume de données à traiter, au point que l'utilisation efficace de ces informations constitue désormais un défi. Les spécialistes médicaux, partout dans le monde, se retrouvent ainsi inondés de tous ces types de données qu'ils doivent collecter, traiter et analyser. En tant que personnes, ils ont une capacité limitée et sont susceptibles de se fatiguer, ce qui est préjudiciable à leur propre santé et à leur capacité à aider leurs patients.

Ce fait ouvre la possibilité d'utiliser des solutions informatiques innovantes et d'employer des logiciels d'analyse d'images médicales. Les solutions d'intelligence artificielle peuvent réduire le temps d'attente des patients pour recevoir leur diagnostic, augmenter le nombre de personnes pouvant être examinées, accroître la précision du diagnostic et aider les organisations de soins de santé à exploiter efficacement cette surabondance d'informations en les utilisant pour créer des systèmes d'aide à l'analyse et à l'interprétation de ces images. Cette analyse vise à faciliter le diagnostic posé par le praticien et à le rendre aussi précis et fiable que possible.

### **Contexte et motivations**

Avec l'évolution de la science, la rétine est devenue maintenant une véritable petite fenêtre sur l'état de santé d'un patient. En effet, une image de haute résolution de la rétine peut constituer un argument diagnostique solide pour un large éventail de pathologies. En connaissant l'anatomie d'une rétine saine, toute anomalie dans l'architecture, l'aspect des couches rétiniennes ou le flux vasculaire sont des informations valorisantes qui, dans un contexte clinique particulier, aident le médecin à poser un diagnostic précoce pour différentes pathologies comme la dégénérescence maculaire liée à l'âge (DMLA) et l'œdème maculaire diabétique (OMD). La tomographie par cohérence optique (OCT), par son caractère non invasif, son application in vivo en temps réel, sa grande précision, sa simplicité et sa rapidité, constitue une pierre angulaire de la médecine en général et de l'ophtalmologie en particulier. L'imagerie OCT a fait des progrès significatifs au cours des deux dernières décennies ; elle est donc désormais devenue une routine clinique. Cette technique permet d'évaluer la morphologie vasculaire et fibro-vasculaire ainsi que de mesurer l'épaisseur des différentes couches rétiniennes, ce qui aide

les médecins à mieux comprendre l'anatomie de la fovéa humaine et à prédire l'évolution de la pathologie rétinienne.

La détection précise des structures anatomiques et pathologiques dans les images OCT est primordiale pour le diagnostic et l'étude des maladies oculaires et de leurs effets sur les couches et la forme de la rétine. Ainsi, chaque système commercial d'OCT est équipé d'un logiciel de segmentation qui peut être un outil efficace utilisé pour quantifier les diverses mesures diagnostiques fournies cliniquement. Malgré son efficacité, l'utilisation de ces logiciels se limite à mesurer uniquement la couche de fibres nerveuses et l'épaisseur totale de la rétine, avec des taux de réussite variables. Quant aux autres caractéristiques oculaires d'intérêt, comme l'épaisseur de la couche des photorécepteurs, les données quantitatives sont principalement obtenues par segmentation manuelle. La segmentation manuelle est non seulement exigeante pour les experts qualifiés (s'appuie sur leur vision et leur expérience), mais elle est extrêmement difficile et prend également beaucoup de temps pour une utilisation clinique ou pour des essais multicentriques à grande échelle (en particulier lorsqu'elle est mise en œuvre dans des analyses 3D). En outre, la variabilité inhérente entre les évaluateurs donne des résultats subjectifs. L'élaboration de logiciels automatiques dédiés à l'analyse de ces images OCT devrait permettre d'optimiser leur utilisation, pour le plus grand bénéfice du patient et du médecin.

De cette observation et des derniers développements des méthodes d'analyse d'images est née l'idée de développer un système d'analyse et d'interprétation des données OCT. Ce système a pour but de contourner les différentes limites mentionnées ci-dessus et peut donc être utile pour offrir une aide supplémentaire à l'ophtalmologiste "sans le remplacer", qui constitue un deuxième lecteur potentiel. Notre travail de recherche s'inscrit dans ce contexte. Il vise à concevoir un système performant d'analyse et de segmentation d'images OCT de la rétine afin d'assister les ophtalmologistes dans l'étude de la variabilité rétinienne pour des cas sains et pathologiques.

## **Méthodologie et contributions**

Cette thèse est l'aboutissement d'une série de travaux de recherche réalisés dans le cadre d'une thèse de doctorat au laboratoire de génie biomédical et qui porte sur la segmentation et l'analyse d'images OCT de la rétine pour l'étude de la variabilité rétinienne.

Dans ce travail de thèse, deux nouvelles approches pour la segmentation des images OCT ont été proposées. L'une est destinée aux sujets sains et l'autre aux sujets atteints de DMLA et

d'OMD. Cette segmentation se heurte à quelques difficultés. La première est le bruit existant dans les images, rendant les interfaces entre les couches mal identifiées. La seconde est la double variabilité, soit de la morphologie d'un patient à l'autre, soit entre les différents appareils d'acquisition pour le même patient. Enfin, une autre difficulté s'ajoute pour les cas pathologiques, qui induisent une perte de contraste et la déformation ou la disparition des couches dans les images OCT.

L'originalité de notre travail par rapport aux travaux antérieurs réside dans l'application de deux nouvelles approches qui englobent à la fois des méthodes locales et globales. Nous avons exploité les connaissances anatomiques sur la structure et l'apparence des couches rétinienne pour la segmentation des images OCT. Ainsi, notre travail de thèse aboutit à trois contributions principales. La première est la détection des différentes couches visibles dans les images OCT. Nous avons présenté une approche entièrement automatique pour la segmentation des structures en couches dans les images oculaires en utilisant la théorie des graphes et la programmation dynamique qui réduit considérablement le temps de traitement nécessaire à la segmentation des images et à l'extraction des caractéristiques. Bien que la technique proposée puisse être généralisée pour segmenter n'importe quelle structure en couches dans des images de n'importe quelle modalité d'imagerie, nous nous concentrons sur la segmentation des couches rétinienne dans des images SD-OCT. La deuxième contribution est l'introduction d'un nouvel algorithme d'optimisation dans l'approche classique de K-moyennes afin de surmonter la majorité des problèmes qui peuvent affecter les résultats de la segmentation. La troisième est la segmentation d'images OCT de sujets atteints de DMLA et de DME à l'aide de la méthode hybride obtenue, ce qui, à notre connaissance, n'a jamais été fait auparavant.

## **Plan de cette thèse**

Pour plus de clarté, tous ces éléments sont organisés en plusieurs chapitres. En plus de cette partie introductive, cette thèse est composée de quatre chapitres qui sont complétés par une conclusion qui récapitule les principaux résultats détaillés dans cette thèse ainsi que les perspectives de ce présent travail.

Dans le *Chapitre 1*, nous commençons par une présentation de l'aspect médical de base nécessaire pour mieux comprendre et expliciter la problématique abordée dans cette thèse. L'anatomie du fond d'œil et son principe de fonctionnement sont décrits. Ensuite, les différentes maladies oculaires telles que l'œdème maculaire diabétique, la dégénérescence maculaire liée à l'âge sont détaillées, à savoir leurs causes, symptômes, incidences, diagnostic et traitement. Une

bonne partie sur les différentes techniques d'acquisition des images rétinienne est donnée à la fin de ce chapitre.

Dans le *Chapitre 2*, nous présentons une synthèse de l'état de l'art des principales méthodes de segmentation des couches rétinienne dans les images OCT. Cette revue se concentre sur les algorithmes automatisés et semi-automatisés développés pour segmenter les différentes couches cellulaires de la rétine et les irrégularités structurelles associées aux maladies rétinienne (par exemple, les druses et les régions remplies de liquide) dans les images OCT. Les approches de segmentation des images rétinienne OCT varient selon le nombre de caractéristiques rétinienne (par exemple, le nombre de couches intra-rétinienne et de régions remplies de liquide) à segmenter, et selon leur robustesse en présence du bruit de speckle inhérent, des ombres des vaisseaux sanguins rétinien et des irrégularités structurelles au niveau de la fovéa, de la macula et du nerf optique dans les tissus rétinien pathologiques. La plupart de ces méthodes sont basées sur trois étapes principales : le prétraitement, la détection des interfaces et le post-traitement. Ces étapes constituent la structure suivie dans nos approches de segmentation.

Nous détaillons ensuite dans le *Chapitre 3* l'approche automatique proposée pour la segmentation d'images de sujets sains. Elle est basée sur l'utilisation de la théorie des graphes et de la programmation dynamique. Notre système algorithmique simple nous permet de traiter efficacement les différentes sources d'instabilité, notamment la fusion des couches au niveau de la fovéa et la réflectivité inégale des tissus. En outre, un traitement spécial est inclus pour des problèmes tels que l'hypo-réflectivité des vaisseaux, où les informations structurelles sont perdues en raison de l'ombre des vaisseaux. Bien que les travaux précédents traitent de la détection automatique des vaisseaux, nous incorporons un algorithme simple de détection des vaisseaux pour obtenir des résultats de segmentation plus précis. Par conséquent, nous pouvons détecter toutes les couches rétinienne visibles dans les images OCT. De plus, cette approche permet la segmentation d'un grand nombre d'images (plus de 100) avec une bonne précision autour de la fovéola. Ensuite, une étude quantitative complète incluant une étude comparative entre la segmentation automatique et la segmentation manuelle est faite pour évaluer notre approche. En conclusion, la segmentation d'images de rétines saines permet aux médecins d'étudier la variabilité de la morphologie des couches fovéales et périfovéales.

Le dernier chapitre, *Chapitre 4*, est consacré pour l'analyse et la segmentation des images OCT de la rétine dans le cas des sujets pathologiques. Dans ce chapitre, nous nous sommes penchés donc sur la conception d'un système de dépistage automatique des lésions liées à la

DMLA et de l'OMD. Le modèle ainsi conçu devrait optimiser l'utilisation des informations et des caractéristiques fournies par les images OCT au profit du patient et du médecin. Nous avons cependant constaté que l'application de l'approche traditionnelle de K-moyennes peut présenter plusieurs problèmes influençant ainsi les résultats de la segmentation et de l'extraction de caractéristiques. Nous avons donc étudié dans la deuxième partie de ce chapitre les solutions possibles pour pallier ces limites en proposant des algorithmes d'optimisation tels que les algorithmes génétiques. Cette optimisation nous permet non seulement de résoudre les problèmes de K-means mais aussi d'adapter l'algorithme proposé afin qu'il puisse détecter à la fois les lésions de DMLA et de DME. Différents protocoles de validation sont proposés pour évaluer quantitativement les résultats obtenus.

Ce travail se termine par une conclusion générale qui résume succinctement les différents travaux menés dans cette thèse. Elle met en évidence les principaux résultats obtenus et donne quelques perspectives.

# **Chapitre 1**

## **Imagerie de l'œil par tomographie de cohérence optique**

## **1.1. Introduction**

L'œil est l'organe de la vue qui capte et traite les ondes lumineuses permettant aux êtres vivants d'interagir avec leur environnement. Afin de mieux appréhender le principe de la vision, il est nécessaire de connaître son fonctionnement et plus particulièrement d'étudier les zones qui présentent la plus grande acuité. La motivation principale de la recherche est de comprendre les mécanismes responsables de toute forme de dégénérescence rétinienne, afin d'analyser certaines pathologies et tenter de limiter leur progression.

Après un bref rappel de l'anatomie de l'œil, la tomographie par cohérence optique (OCT) et son principe de base sont présentés dans ce chapitre. Cette technique d'imagerie permet notamment de bien observer les différentes couches de la rétine, objet d'étude de cette thèse. Ensuite, une synthèse des différents travaux trouvés dans la littérature, qui se penchent sur la segmentation des couches rétinienne des images acquises par OCT, est proposée.

## **1.2. Anatomie de l'œil**

L'œil est notre principal organe de communication avec l'extérieur, il est plus complexe et perfectionné de notre corps. Sa fonction est de recueillir la lumière du monde visible qui nous entoure et la convertit en impulsions nerveuses. Le nerf optique transmet ces signaux au cerveau, au niveau du cortex occipital, qui forme une image offrant ainsi la vue.

L'œil humain se compose principalement de deux structures : le Bulbe oculaire logé dans une cavité osseuse appelée l'orbite puis les annexes qui l'entourent et jouent un rôle de mobilisation (les muscles oculomoteurs) de protection (les paupières) ou de glissement (les glandes lacrymales).

### **1.2.1. Bulbe oculaire**

Le Bulbe oculaire, ou globe oculaire, est un organe sphéroïdes de diamètre transversal et antéro-postérieur de 23 mm et 25 mm respectivement. Il a un poids d'environ de 8 g et un volume de 6.5 cm<sup>3</sup>. Il est constitué d'un contenant (les membranes oculaires) qui formé une coque entourant par un contenu (les milieux transparents). La **figure 1.1.** Présente les différents composants de l'œil.

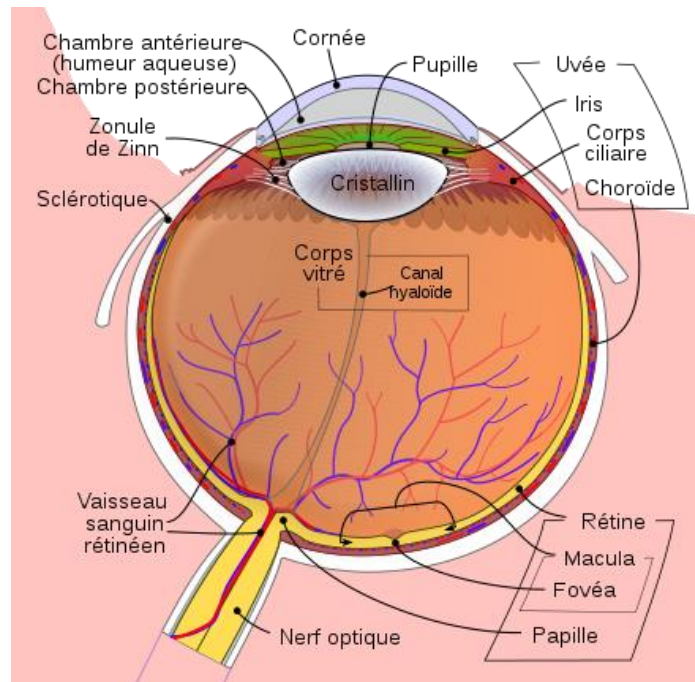


Figure. 1.1. Schéma anatomique de l'œil.

### 1.2.1.1. Le contenant oculaire

La paroi du globe oculaire est formée de dehors en dedans de trois tuniques ou enveloppes : la tunique fibreuse, La tunique uvéale ou vasculaire et la tunique nerveuse. Ils se composent de différents tissus et remplissent différentes fonctions.

Nous allons détailler chaque partie des tuniques de la coque oculaire dans la partie qui suit.

#### a. La tunique fibreuse

La couche externe de l'œil est constituée de tissu conjonctif dense, qui protège le globe oculaire et conserve sa forme. Elle est constituée de la cornée, à l'avant, et de la sclère, à l'arrière.

- **La cornée**

La cornée est la partie antérieure qui occupe le sixième restant du globe oculaire. Cette portion est transparente. C'est la première « fenêtre » claire par laquelle la lumière pénètre dans l'œil. La transparence de la cornée est importante pour que la vision soit claire. Bien qu'il ait de nombreuses fonctions, l'une des plus importantes est de plier (réfracter) la lumière entrant dans l'œil vers la lentille, qui à son tour focalise également la lumière sur la rétine. La cornée est composée de cinq couches chacune fournissant une fonction détaillée à ce tissu spécial de l'œil. La cornée est un tissu tout à fait unique car elle est avasculaire (pas de vaisseaux sanguins) dans



le tissu et parce qu'elle doit rester complètement claire pour un bon fonctionnement et une meilleure vision.

- **La sclère**

C'est la couche de support la plus externe qui consiste en une membrane épaisse de tissu conjonctif fibreux résistant. Avec sa surface externe colorée en blanc, il est communément appelé le « blanc de l'œil ». La sclère recouvre presque toute la surface du globe oculaire. Il couvre cinq sixièmes parties du globe oculaire. Il a pour fonction de protéger les structures intraoculaires des forces internes et externes, de servir d'attache aux muscles oculaires supplémentaires qui déplacent l'œil et de maintenir la forme de l'œil. La sclérotique est pénétrée par les vaisseaux sanguins et les nerfs, mais la pénétration la plus importante est le nerf optique.

**b. La tunique vasculaire**

La tunique vasculaire, aussi nommée uvée, est la paroi moyenne du globe oculaire. C'est une enveloppe musculo-vasculaire qui revêt la membrane fibreuse, adhère à la face profonde de la cornée tout en restant à distance de celle-ci. Elle comprend d'arrière en avant : la choroïde ; le corps ciliaire et l'iris.

- **La choroïde**

La choroïde est la membrane intermédiaire du globe oculaire faisant partie de l'uvée postérieure et couvrent les deux tiers du globe. Elle est située entre la membrane externe (la sclérotique) et la membrane interne (la rétine). Elle est composée en grande partie de vaisseaux sanguins qui nourrissent la partie externe de la rétine. La choroïde contient également des mélanocytes qui sécrètent de la mélanine, le pigment qui donne à la tunique sa couleur sombre. La mélanine absorbe les rayons lumineux diffus, empêchant ainsi la réflexion et la diffusion de la lumière à l'intérieur de l'œil, ce qui permet une bonne définition de l'image projetée.

- **Le corps ciliaire**

La partie antérieure de la choroïde passe dans le corps ciliaire, dont l'une des fonctions est d'ancrer le cristallin en place. Le corps ciliaire contient du muscle (muscle ciliaire), qui peut changer la forme du cristallin pour s'adapter à la vision de loin ou de près, respectivement, contrôlant ainsi le soi-disant pouvoir réfractif du cristallin. Les fonctions supplémentaires du corps ciliaire sont la sécrétion et l'écoulement de l'humeur aqueuse (cette dernière via le « canal de Schlemm »), un fluide aqueux qui remplit les chambres antérieure et postérieure du corps.

- **L'iris**

L'iris est le segment le plus antérieur de l'uvée. Il est situé en arrière de la cornée et en avant du cristallin. La modulation de la quantité de lumière entrant dans l'œil est l'une des principales fonctions de l'iris. Il se place donc comme un diaphragme circulaire s'ajustant automatiquement en fonction de l'intensité de la lumière reçue par la pupille: l'ouverture centrale de l'iris dont le diamètre est sujette à l'action des muscles dilatateurs et constricteurs de l'iris. A l'obscurité, les muscles dilatateurs se contractent provoquant la dilatation de la pupille (mydriase). En revanche, à la grande lumière, les muscles constricteurs (sphincter) se contractent provoquant ainsi le rétrécissement de la pupille (myosis). L'iris est de structure pigmentée donnant sa couleur à l'œil. Cette couleur dépend de sa concentration en mélanine.

**c. La tunique nerveuse**

La tunique nerveuse, ou proprement dit sensoriel, forme l'enveloppe interne du globe oculaire. Elle tapisse les trois quarts postérieurs de celui-ci et constitue l'amorce de la voie visuelle. Elle se compose principalement de la rétine et nerf optique.

- **La rétine**

La rétine est une membrane contenant des récepteurs sensoriels qui tapisse la face interne de la paroi postérieure du globe oculaire, profondément à la couche choroïde et superficielle à l'humeur vitré. Elle s'étend du nerf optique à la pupille. La rétine est composée de cellules épithéliales, gliales et neurales, qui sont organisées en 10 couches distinctes (**Figure. 1.2.**) :

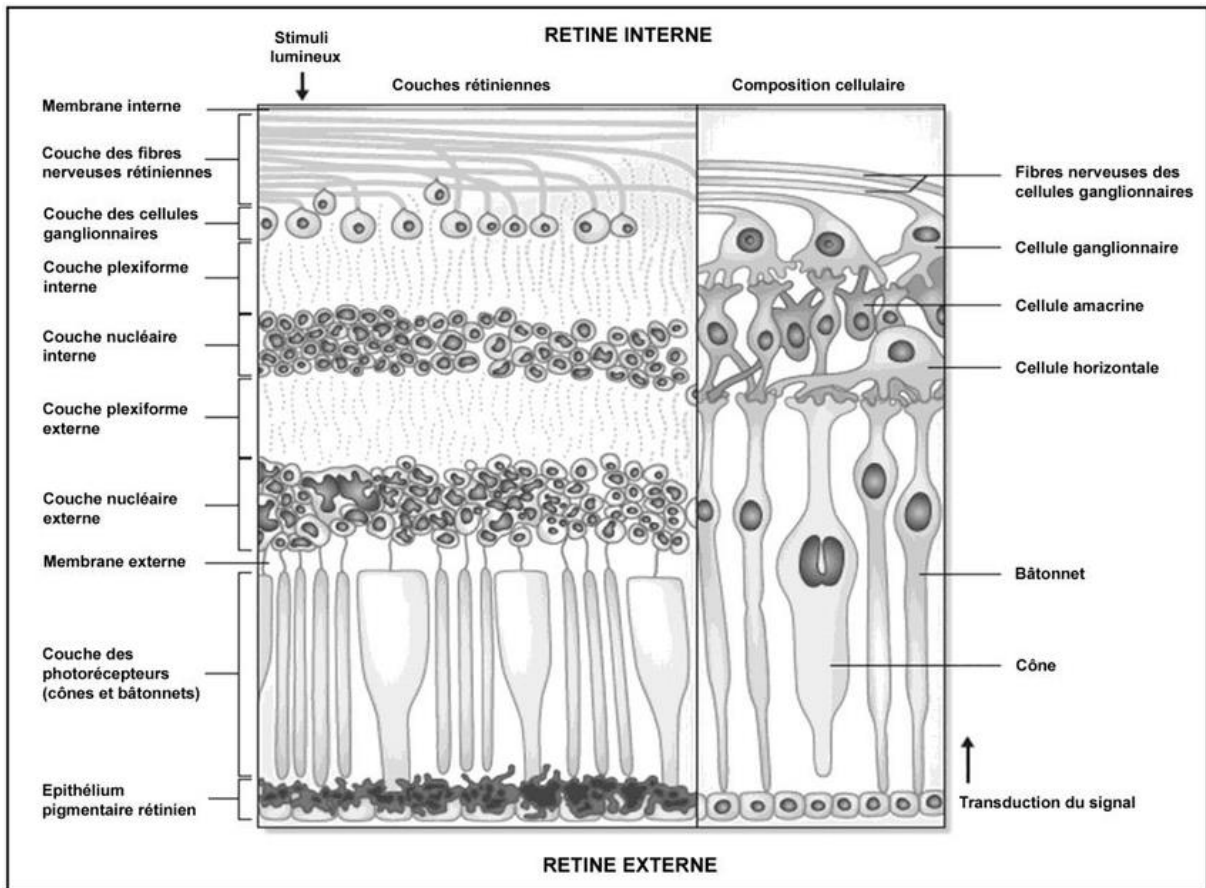


Figure. 1.2. Couches cellulaires de la rétine. [1]

- **L'épithélium pigmentaire** : La rétine est soutenue par l'épithélium pigmentaire rétinien (RPE). Il s'agit d'une couche unicellulaire qui forme la couche la plus externe de la rétine. Il adhère fermement à la lame basale sous-jacente (membrane de Bruch) de la choroïde. Il a de nombreuses fonctions, notamment le maintien de la barrière hémato-rétinienne, le transport de nutriments et de métabolites et le soutien mécanique des processus photorécepteurs.
- **Couche photo-réceptrice** : les bâtonnets et les cônes sont les organes terminaux de la vision et sont également connus sous le nom de photorécepteurs. Les bâtonnets contiennent une substance photosensible pourpre visuelle (rhodopsine) et favorisent la vision périphérique et la vision de faible éclairage (vision scotopique). Les cônes contiennent également une substance photosensible et sont principalement responsables de la vision centrale hautement discriminatoire (vision photo-pique) et de la vision des couleurs.
- **La membrane limitante externe** : La membrane limite externe est une membrane fenêtrée située à la base des cônes et des bâtonnets. Cette couche est formée par la jonction entre la membrane cellulaire des photorécepteurs et des cellules de Müller. Il

agit comme une barrière sélective pour les nutriments et stabilise la position de la partie transducteur du photorécepteur.

- **Couche nucléaire externe** : C'est une couche qui est constituée de noyaux cellulaires de bâtonnets et de cônes. Dans la rétine périphérique, la couche nucléaire externe se compose de 3 à 4 couches de noyaux en bâtonnets et d'une seule couche de noyaux coniques. Il est le plus épais dans la fovéa, où il contient environ 10 couches de noyaux de cône.
- **Couche plexiforme externe** : Le mot « plexiforme » signifie quelque chose lié au plexus. La couche plexiforme externe est la couche de processus et de synapses, qui se situe entre deux couches nucléaires (noyaux de diverses cellules rétinienne). Cette couche contient une synapse et un réseau de processus de ramification de cellules horizontales et de cellules bipolaires ainsi que des fibres internes de photorécepteurs.
- **Couche nucléaire intérieure** : Cette couche contient des noyaux de cellules horizontales, divers types de cellules bipolaires, des cellules amacrines, des cellules de Müller et des capillaires centraux des vaisseaux rétinien.
- **Couche plexiforme interne** : Se compose principalement des arborisations des axones des cellules bipolaires avec des dendrites des cellules amacrines et des cellules ganglionnaires.
- **Couche de cellules ganglionnaires** : renferme les corps cellulaires des cellules ganglionnaires, les neurones qui transportent les influx nerveux jusqu'aux corps genouillés dans le cerveau.
- **Couche de fibre nerveuse** : Cette couche contient des axones des cellules ganglionnaires qui sont parallèles à la surface de la rétine et émergent en tant que nerf optique. Les vaisseaux rétinien sont également situés dans la couche de fibres nerveuses. Les cellules de Müller jouent un rôle important dans l'isolation des vaisseaux et des fibres nerveuses.
- **Membrane de limitation intérieure** : C'est la couche la plus interne et sépare la rétine du vitré. Il est formé par l'union d'expansions terminales des fibres de Muller. C'est essentiellement une membrane basale.
- **La Macula et la fovéa**: La macula ou la tache jaune est une zone de forme ovale près du centre de la rétine. La rétine est une couche sensible à la lumière qui tapisse l'arrière de l'œil. Il est composé de 200 millions de neurones, mais ne mesure qu'environ 0,2 millimètre d'épaisseur. Bien qu'elle soit petite, un diamètre d'environ 5 mm, la macula a pour fonction principale de fournir une vision nette, claire et droite. Il est responsable

de l'ensemble de notre vision centrale et de la plupart de notre vision des couleurs. Au centre de la macula se trouve une petite dépression appelée la fossette centrale ou fovéa centralise. C'est le point où l'acuité visuelle, ou résolution, est maximale en raison de la forte concentration de cônes, comme l'indique la **Figure. 1.3**.

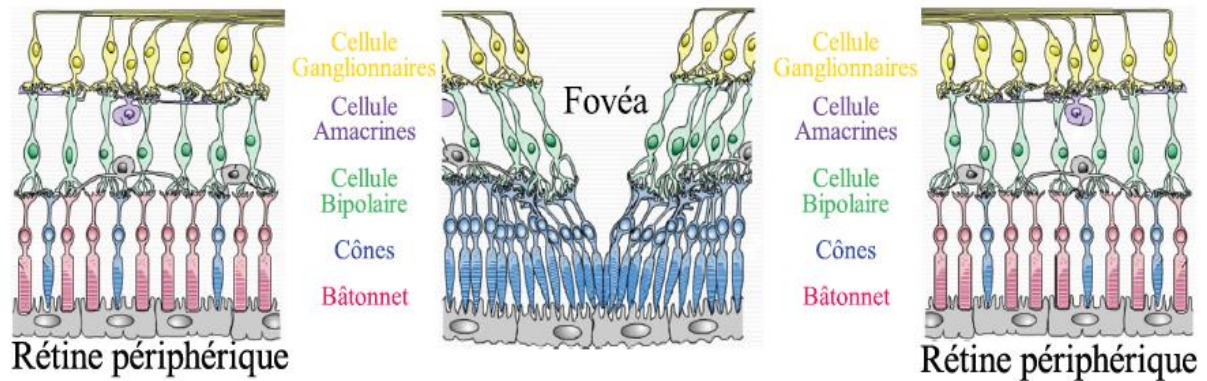


Figure. 1.3. Schéma en coupe de la rétine centrale : la macula.[2]

#### 1.2.1.2. Le contenu oculaire

Les milieux transparents remplissent le globe oculaire sont constitués par le cristallin, l'humeur aqueuse et le corps vitré qui sont détaillés par la suite :

##### a. Le cristallin :

Le cristallin est une lentille biconvexe transparente, élastique et avasculaire, située derrière l'iris en avant du corps vitré. Il est disposé sur un plan frontal, son diamètre est de 9mm et son épaisseur de 4 à 5mm. Il possède une face postérieure plus arrondie que la face antérieure. Il est retenu par le ligament suspenseur, les fibres zonulaires, ce qui lui permet de s'attacher au corps ciliaire. Ces derniers agissent sur le cristallin en modifiant ses courbures, et donc en modifiant son indice de réfraction. Il s'agit de l'accommodation.

Le cristallin divise le globe oculaire en deux segments : **antérieur** et **postérieur**. Le **segment antérieur**, situé en avant du cristallin, est lui-même divisé par l'iris en deux autres chambres : **la chambre antérieure**, située entre la cornée et l'iris, et **la chambre postérieure**, située derrière l'iris et en avant du cristallin. Ces deux chambres du segment antérieur sont pleines d'humeur aqueuse. Tandis que **le segment postérieur** est situé en arrière du cristallin et il est constituée de l'humeur vitrée, comme il est illustré dans la figure suivante (**Figure. 1.4.**) :

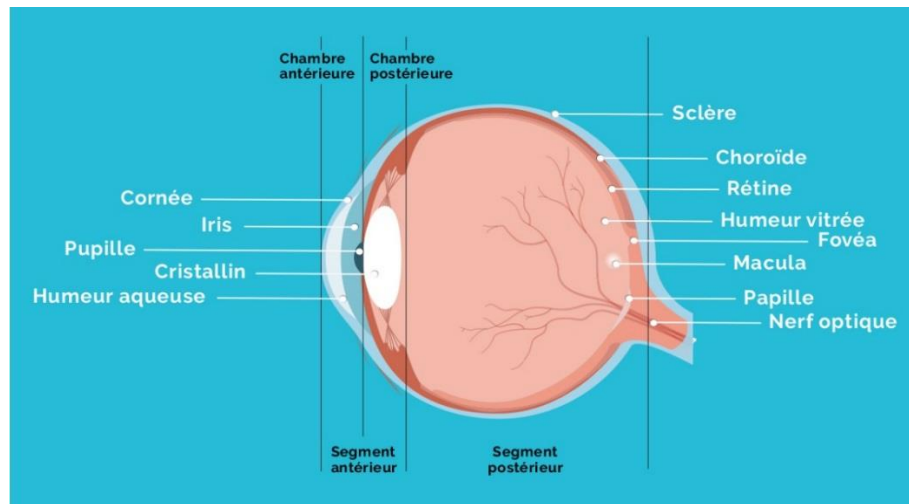


Figure. 1.4. Schéma descriptif du segment antérieur et postérieur de l'œil.

### b. L'humeur aqueuse

L'humeur aqueuse est un fluide incolore et clair qui occupe l'espace entre le cristallin et la cornée de l'œil. Elle est constamment renouvelée. L'humeur aqueuse est continuellement sécrétée par les capillaires des processus ciliaires ; il s'écoule dans la chambre postérieure et entre dans la chambre antérieure par la pupille. De là, il est absorbé par le sinus veineux de la sclérotique, puis retourne dans la circulation sanguine. L'humeur aqueuse est chargée de maintenir la pression intraoculaire, de préserver la forme de l'œil et de nourrir le cristallin et la cornée afin qu'ils ne soient pas privés de vaisseaux sanguins.

### c. Le corps vitré

Le segment postérieur aussi appelé la chambre vitrée se trouve à l'arrière du cristallin. Il occupe tout l'espace disponible entre la rétine et le cristallin et forme la plus grande cavité du globe oculaire, représente 90% du volume de l'œil. Cette cavité est remplie du corps vitré, une substance transparente, visqueuse et conjonctive qui se forme une fois pour toutes pendant le développement embryonnaire. En plus de maintenir la forme intacte de l'œil, le corps vitré aide à retenir le contact étroit entre la rétine et la choroïde. C'est à travers ce liquide que les rayons lumineux traversent le cristallin jusqu'à la rétine.

## 1.3. Pathologie Rétiniennes

Les maladies rétiniennes sont une cause importante de morbidité oculaire et de déficience visuelle dans le monde. Les estimations du nombre de personnes souffrant d'affections oculaires pouvant entraîner une déficience visuelle montrent à quel point ces affections sont courantes. D'après des données épidémiologiques récemment publiées, la cécité et la déficience visuelle

touchent au moins 2,2 milliards de personnes dans le monde[3]. La répartition de la plupart de ces affections n'est pas équitable. Les principales dimensions sur lesquelles la distribution varie sont : la région, la zone de résidence, le niveau de revenu, le sexe et l'âge.

Le vieillissement de la population, associé aux changements environnementaux et de style de vie, représente le facteur principal qui a un impact significatif sur le nombre de personnes souffrant de problèmes oculaires. D'ici 2030, le nombre de personnes âgées de 60 ans et plus dans le monde devrait passer de 962 millions (2017) à 1,4 milliard, tandis que le nombre de personnes âgées de plus de 80 ans passera de 137 millions (2017) à 202 millions[4]. Ces changements démographiques entraîneront une augmentation considérable du nombre de personnes malvoyantes et aveugles.

Il existe quatre principales maladies oculaires liées à l'âge qui touchent les personnes âgées, mais elles peuvent toucher n'importe qui à tout âge : le glaucome, la cataracte, la dégénérescence maculaire et la rétinopathie diabétique. Connaître les symptômes et les traitements pour chacune de ces conditions peut aider à protéger la vision. La discussion de cette section porte sur les maladies oculaires les plus courantes, telles que la dégénérescence maculaire liée à l'âge et l'œdème maculaire diabétique. Les sections suivantes expliquent comment les symptômes des maladies oculaires apparaissent et affectent la vision, les traitements envisagés ainsi que le diagnostic de ces anomalies.

### **1.3.1. Dégénérescence maculaire liée à l'âge (DMLA)**

La dégénérescence maculaire liée à l'âge ou simplement la dégénérescence maculaire, est une maladie dégénérative rétinienne chronique, évolutive et invalidante, qui débute après l'âge de 50 ans. Elle atteint de manière sélective la macula en provoquant une altération progressive de la fonction maculaire ainsi qu'une perte irréversible de l'acuité visuelle centrale. Les premiers symptômes comprennent une vision floue et l'apparition de distorsions des images au centre du champ visuel. La vision centrale diminue graduellement parce que la partie pigmentaire de la rétine s'atrophie et dégénère.

#### **1.3.1.1. Étiologie/ pathogénèse**

Malgré une recherche fondamentale et clinique intensive, sa pathogénèse reste incertaine, probablement en raison du caractère multifactoriel [5], [6]. En plus de la forte dépendance de la maladie à l'âge, une interaction complexe de facteurs métaboliques, fonctionnels, génétiques et environnementaux semble créer un stade de développement chronique de changements dans

les structures oculaires de la région maculaire (chorio-capillaires, membrane de Bruch, épithélium pigmentaire rétinien-RPE, photorécepteurs) qui peuvent contribuer à des degrés divers à l'apparition et à l'image finale de la DMLA.

Une perturbation métabolique de l'épithélium pigmentaire conduit à la formation de dépôt dans la région de la membrane de Bruch/de l'épithélium pigmentaire et à la formation de **druses** (accumulation de la **lipofuscine**). On aboutit finalement à une perte des cellules épithéliales pigmentaires, à un processus **d'inflammation** chronique ainsi qu'à une libération de facteurs de croissance avec formation de **néo-vascularisation** choroïdiennes.

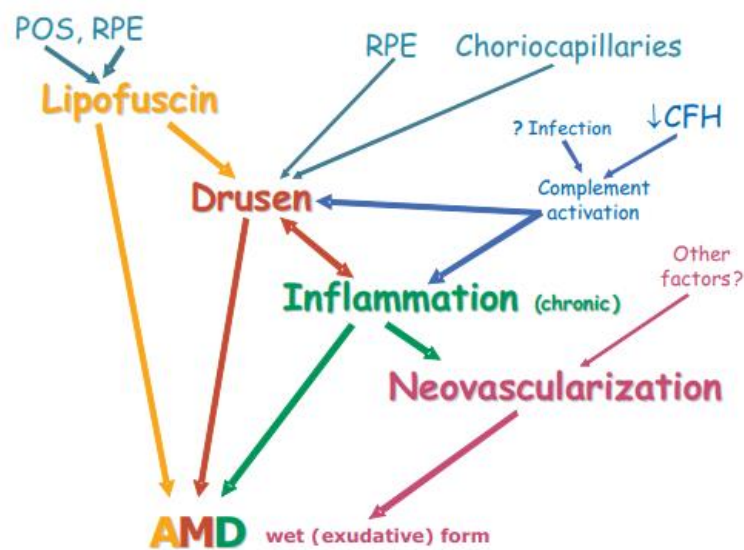


Figure. 1.5. Représentation schématique de la pathogénie de la DMLA.[7]

### 1.3.1.2. Épidémiologie

La DMLA est l'une des principales causes de cécité dans le monde [8], [9] et la cause la plus fréquente de cécité dans les pays développés.[10], [11]. Selon l'Organisation mondiale de la santé, 196 millions de personnes âgées de 30 à 97 ans sont atteintes de DMLA dans le monde en 2020, dont 10,4 millions de personnes souffrant de déficience visuelle modérée à sévère ou de cécité [3]. En raison du vieillissement de la population, la charge mondiale de la DMLA devrait atteindre plus de 288 millions de cas en 2040 [8]. Ce qui fait de la DMLA la principale cause de handicap visuel dans le monde industrialisé et la troisième cause mondiale après le glaucome et la cataracte [6], [12]. Le risque de souffrir de cette maladie est le même pour les femmes et les hommes, mais il augmente avec l'âge [13]. Parmi les plus de 60 ans, en Europe, environ une personne sur quatre souffre de dégénérescence maculaire liée à l'âge [14]. Comme le montre l'image suivante :



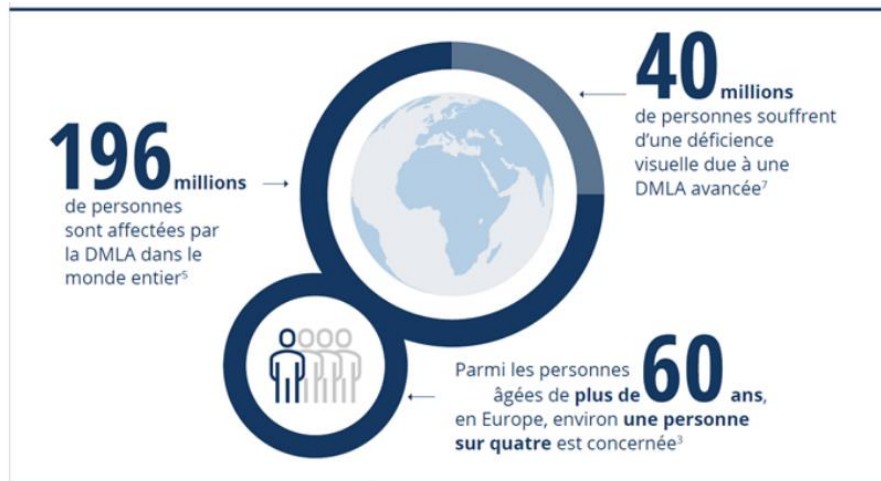


Figure. 1.6. Aperçu de la DMLA dans le monde.

Le vieillissement est le plus grand facteur de risque ; par conséquent, la prévalence globale de la DMLA devrait être multipliée par sept, passant de 4,2 % chez les personnes âgées de 45 à 49 ans à 27,2 % chez les personnes âgées de 80 à 85 ans (**Figure. I.7.**) [8]. En 2008, une étude publiée par le ministère de la santé a recensé 200 000 cas diagnostiqués en Algérie, ce chiffre atteindrait 250 000 en 2017 toujours selon la même source. Elle voit sa fréquence croître en raison de l'augmentation de l'âge de la population [3].

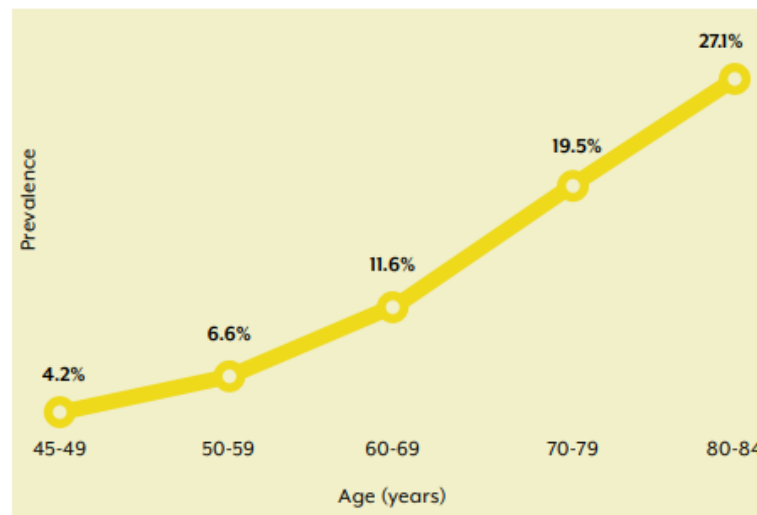


Figure. 1.7. Estimations de la prévalence de la DMLA par groupe d'âge.[3]

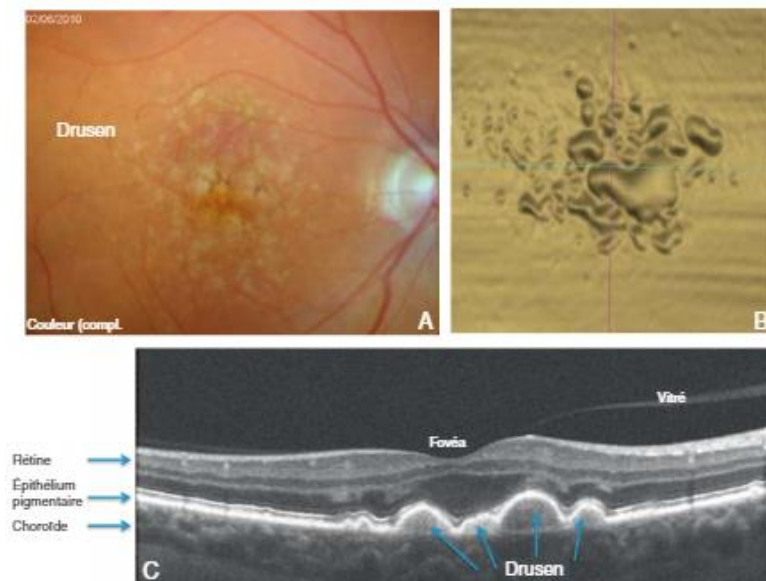
### 1.3.1.3. Tableau clinique

L'atteinte de la DMLA est en général bilatérale, mais peut être asymétrique. Ce terme inclut des stades précoces sans retentissement fonctionnel, regroupés sous le terme de maculopathie liée à l'âge (MLA), et des stades tardifs (DMLA exsudative ou atrophique) caractérisés sur le

plan fonctionnel par une atteinte de la fonction visuelle centrale. La MLA est la forme précoce de la maladie ; La DMLA proprement dite peut prendre deux formes : la forme atrophique et la forme exsudative.

**a. Forme précoce, drusen (40%)**

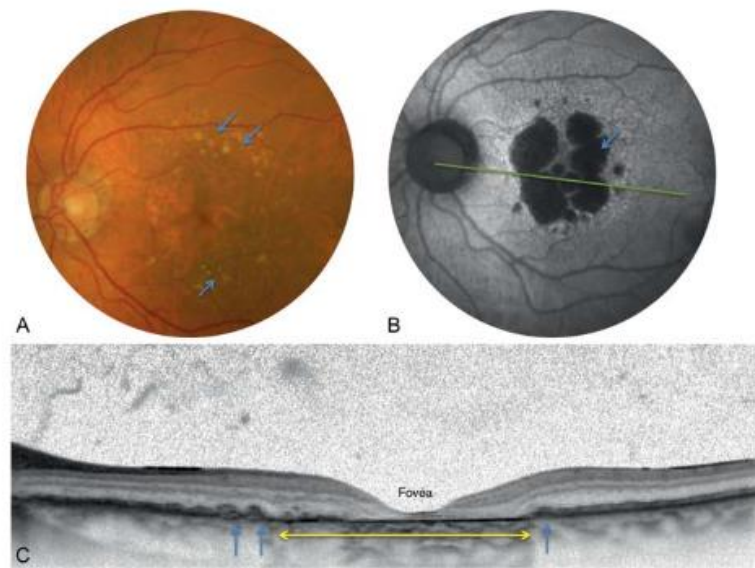
La MLA, parfois appelée DMLA précoce, se manifeste par des altérations de l'épithélium pigmentaire rétinien (EPR) : Hypo-pigmentations (dépigmentation de l'EPR) ou hyperpigmentation (migrations ou bosses pigmentées). Elle se manifeste également sous la forme de dépôts sous-rétiens (ou druses), ce sont la lésion préliminaire de la DMLA. Les druses sont dues à l'accumulation de résidus de la phagocytose des photorécepteurs par les cellules de l'épithélium pigmentaire. Au fond d'œil ils apparaissent comme de petites lésions profondes, blanchâtres ou jaunâtres, de forme et de taille variables sous la rétine dans la région maculaire (**Figure. 1.8. A**). La tomographie par cohérence optique (OCT) retrouve de multiples soulèvements en dôme de l'EPR avec contenu homogène hyper-réfléctif et une conservation de la visibilité de la limitante externe et de l'ellipsoïde, sans exsudation associée (**Figure. 1.8. C**).



**Figure. 1.8.** DMLA non compliquée, forme débutante, druses. **A** : photographie couleur du fond d'œil montrant de grosses druses en partie confluentes. **B** : tomographie en cohérence optique, cartographie de l'épithélium pigmentaire de la rétine, montrant le soulèvement occasionné par les dépôts lipoprotéiques des druses. **C** : tomographie en cohérence optique, coupe horizontale passant par le centre de la macula (fovéa). Les druses (flèches) soulèvent l'épithélium pigmentaire.[15]

**b. Forme atrophique (40%)**

L'atrophie géographique (AG) représente la forme atrophique ou « sèche » de la DMLA. Histologiquement, La forme atrophique est caractérisée par la disparition progressive des couches externes de la rétine (notamment les cellules de l'épithélium pigmentaire, de photorécepteurs et du chorio-capillaire sous-jacent) et un amincissement de la macula consécutif à l'évolution des druses **Figure. 1.9. B**. Elle se traduit à l'examen du fond d'œil par une atrophie croissante de l'épithélium pigmentaire et de la chorio-capillaire **Figure. 1.9. A**. Il apparait d'abord de multiples petites zones d'atrophie, groupées autour de la fovéa, et qui vont ensuite la recouvrir et entraîner une baisse d'acuité visuelle sévère avec scotome central.



**Figure. 1.9. DMLA compliquée, forme atrophique** **A** : photographie couleur du fond d'œil montrant de gros druses (flèches) **B** : Les taches sombres centrales (flèche) représentent la zone d'atrophie de l'épithélium pigmentaire et de la rétine qui survient après une longue évolution de druses confluents. **C** : La rétine est extrêmement atrophique dans la fovéa (comparer avec **Figure. 1.8**), dans toute la zone correspondant aux taches sombres en auto-fluorescence (flèche jaune). Quelques druses persistent en dehors de la zone atrophique (flèches bleues. [15])

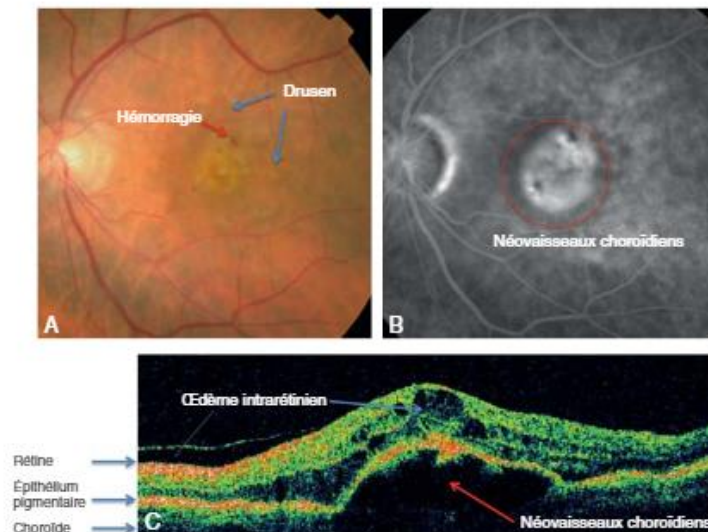
Cette forme de la maladie évolue lentement de sorte que les personnes atteintes ont tendance à pouvoir graduellement s'adapter à leur incapacité visuelle. Dans certains cas, la forme sèche peut évoluer vers la forme exsudative.

### **c. Forme exsudative (20%)**

La DMLA néo-vasculaire ou exsudative, la forme « humide » de la DMLA avancée, entraîne une perte de vision due à une croissance anormale des vaisseaux sanguins (néo-vascularisation choroïdienne) dans la chorio-capillaire, à travers la membrane de Bruch. Elle est généralement,

mais pas toujours, précédée de la forme sèche de la DMLA. La prolifération de vaisseaux sanguins anormaux dans la rétine est stimulée par le facteur de croissance endothélial vasculaire VEGF (vascular endothelial growth factor). Parce que ces vaisseaux sanguins sont anormaux, ils sont également plus fragiles que les vaisseaux sanguins typiques, ce qui conduit finalement à une fuite de sang et de protéines sous la macula. Les saignements, les fuites et les cicatrices de ces vaisseaux sanguins causent éventuellement des dommages irréversibles aux photorécepteurs et une perte de vision rapide s'ils ne sont pas traités.

Bien que la forme humide ne représente que 15 à 20 % des cas de dégénérescence maculaire, elle est la plus sévère et elle est responsable de 90 % des pertes graves de la vision associées à la maladie. L'évolution de cette forme peut être très rapide, faisant perdre la vision centrale (acuité visuelle (AV) < 1/10) en quelques semaines ou mois. [16]



**Figure. 1.10. DMLA compliquée, forme exsudative (néo-vasculaire).** **A** : photographie couleur du fond d'œil montrant de gros druses (flèches bleues) autour d'une zone centrale œdémateuse, avec petite hémorragie rétinienne (flèche rouge). **B** : angiographie à la fluorescéine montrant l'hyper-fluorescence sous-rétinienne produite par la diffusion de colorant à partir des néo-vaisseaux choroïdiens. **C** : tomographie en cohérence optique, coupe horizontale passant par le centre de la macula (fovéa). La rétine est soulevée par les néo-vaisseaux choroïdiens (flèche rouge) situés sous l'épithélium pigmentaire. La rétine est également épaissie par l'œdème formant des logettes micro-kystiques (flèche bleue). [15]

### 1.3.2. Œdème maculaire diabétique (OMD)

Le diabète est une maladie chronique le plus fréquent qui touche plus de 420 millions de personnes dans le monde [17]. Sa morbidité et sa mortalité importantes résultent principalement de ses complications. Les complications oculaires du diabète est l'une des plus connues, vue qu'elles représentent, après la dégénérescence maculaire liée à l'âge, la deuxième cause de cécité légale dans les pays industrialisés [18]. Elles peuvent se manifester par une rétinopathie (lésions diffuses de la rétine) et / ou une maculopathie (lésions de la macula).

La maculopathie diabétique peut se développer à tout stade de la rétinopathie diabétique. Elle se manifeste sous forme de : maculopathie ischémique, elle s'agit d'un phénomène vasculaire occlusif (l'occlusion étendue des vaisseaux rétinienne), c'est une forme peu fréquente et de mauvais pronostic ; et/ou maculopathie œdémateuse, c'est le phénomène vasculaire exsudatif (hyperperméabilité vasculaire rétinienne), elle est beaucoup plus fréquente et peut entraîner des modifications rétinienne structurelles suffisamment graves pour en faire la cause la plus fréquente de perte de vision chez les patients diabétiques de type 2.

L'œdème maculaire diabétique se définit comme un épaississement de la région maculaire lié à l'accumulation de liquide extracellulaire dans la rétine, secondaire à une diffusion anormale de constituants plasmatiques par rupture de la barrière hémato rétinienne interne. Les symptômes comprennent une diminution de l'acuité visuelle associée à un œdème rétinien, une perte de sensibilité au contraste et de vision des couleurs, une métamorphopsie qui peut être mise en évidence sur la grille d'Amsler, une micropsie et un scotome central. Les fuites à l'angiographie à la fluorescéine ne semblent pas corrélées à une diminution de l'acuité visuelle [19].

#### **1.3.2.1. Étiologie/ pathogénèse**

L'OMD est une maladie à multiples facettes avec une pathogénèse complexe et des manifestations cliniques variables. Bien que l'hyperglycémie chronique soit le facteur de risque le plus important contribuant à la pathogénèse du l'OMD, comme en témoignent de grandes études cliniques prospectives, le mécanisme exact par lequel il agit n'est pas clair. La pathogénèse de la rétinopathie diabétique induite par l'hyperglycémie est liée à 4 voies biochimiques majeures tel que : la cascade des polyols, la voie des produits avancés de la glycation, la voie de la protéine kinase C et la voie des hexosamines [20]. Toutes ces voies conduisent à une augmentation du stress oxydatif, de l'inflammation, de l'hypoxie et du dysfonctionnement vasculaire. Le stress oxydatif et l'inflammation entraînent une régulation à la hausse des facteurs de croissance et des cytokines, tels que le VEGF (vascular endothelial

growth factor), les angiopoïétines, le facteur de nécrose tumorale (TNF), les interleukines (IL) et les métallo-protéinases matricielles (MMP), qui contribuent à la dégradation de la barrière hémato-rétinienne (BHR) et au développement de l'OMD, comme le montre le diagramme suivant :

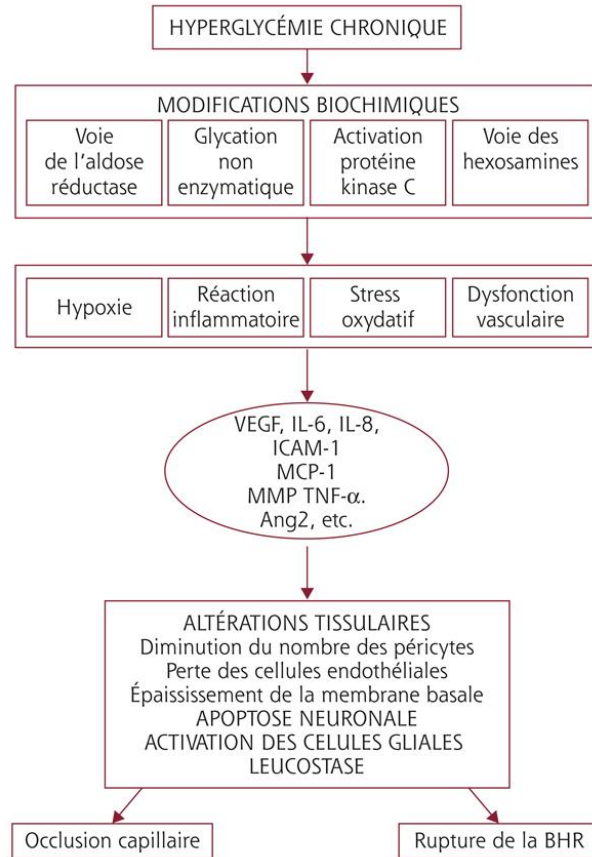


Figure. 1.11. Physiopathologie de l'œdème maculaire du diabétique. [21]

La BHR maintient la régulation étroite de l'équilibre hydro électrolytique dans la rétine. La destruction de cette barrière entraîne une accumulation de liquide dans les couches de la rétine, comme on le voit dans l'OMD. La BHR externe est constituée de cellules d'épithélium pigmentaire rétinien (RPE) entre la chorio-capillaire fenêtrée et la rétine externe, et la BHR interne est constituée de cellules endothéliales des capillaires rétiens de la rétine interne. L'étanchéité de la BHR interne qui empêche la fuite de molécules des capillaires rétiens dépend de l'intégrité des jonctions cellulaires endothéliales, d'une membrane basale normale et des péricytes situés dans la paroi externe (**Figure. 1.12.**). Trois modifications importantes de la BHR qui surviennent dans le diabète sont la dégradation des jonctions cellulaires, la perte de péricyte et l'épaississement de la membrane basale. Ces lésions tissulaires résultent une hyperperméabilité diffuse qui contribue à l'apparition d'OMD [22], [23].

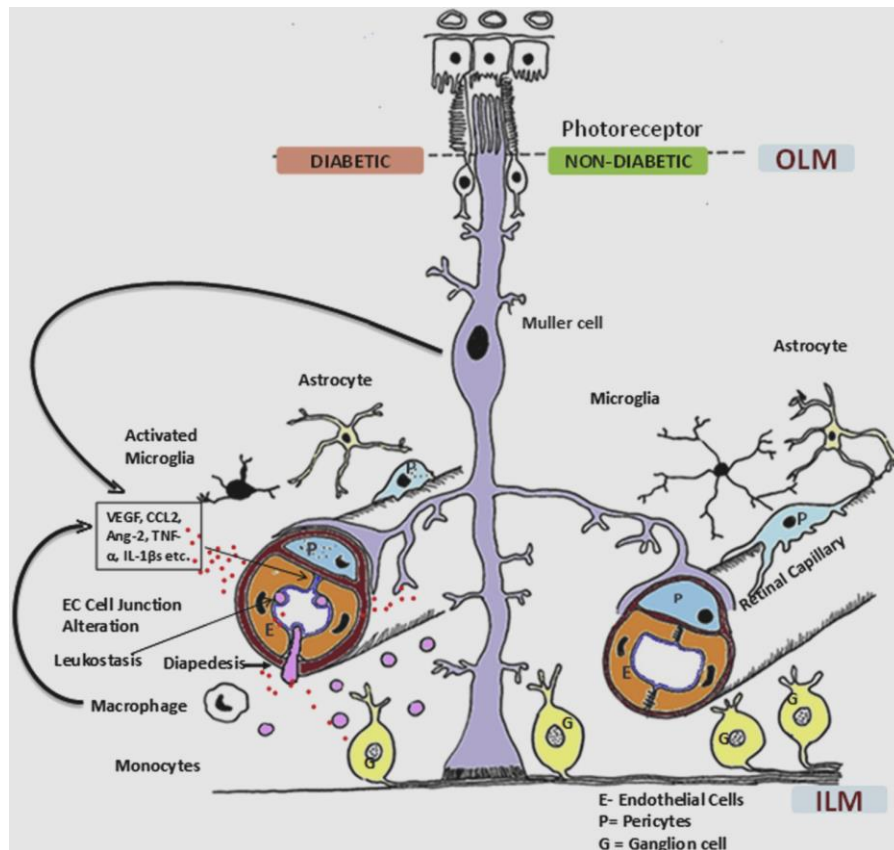


Figure. 1.12. Unité neuro-vasculaire de la rétine dans des conditions non diabétiques et diabétiques.[24]

### 1.3.2.2. Épidémiologie

Avec l'épidémie mondiale de diabète, on s'attend à ce que la rétinopathie diabétique soit la principale cause de cécité dans le monde chez les adultes en âge de travailler [25]. Actuellement, 382 millions de personnes sont diagnostiquées dans le monde, et ce nombre devrait atteindre 592 millions d'ici 2035 [26]. La prévalence de la rétinopathie diabétique est de 77,3% chez les patients diabétiques de type 1 et de 25,1% chez les patients diabétiques de type 2, dont environ 25 à 30% devraient développer un œdème maculaire diabétique [27]. L'OMD survient chez environ 14% des diabétiques et peut être trouvée chez les patients de type I et de type II [28]. Les principales données épidémiologiques d'OMD, dont la plupart sont issus de grandes études comme le WESDR (The Wisconsin Epidemiologic Study of Diabetic Retinopathy) et la UK Prospective Diabetes Study [28], [29]. Les résultats de ces études ont démontré une incidence plus élevée de DME à 4 et 10 ans chez les patients diabétiques à début précoce (8,2% et 20% respectivement) et chez ceux à début tardif et prenant de l'insuline (8,4% et 26% respectivement) par rapport à ceux ne prenant pas d'insuline (2,9% et 14% respectivement). La prévalence de l'œdème maculaire augmente également avec la sévérité de la rétinopathie diabétique : 2% (diabète précoce) à 6% (diabète tardif) en cas de rétinopathie diabétique non

proliférant, 20 à 63% en cas de rétinopathie diabétique pré-proliférant, 70 à 74% en cas de rétinopathie diabétique proliférant. Autres facteurs de risque signalés pour la survenue et la progression de l'OMD sont le mauvais contrôle du diabète, hyperglycémie, l'hypertension, et un âge plus avancé [30].

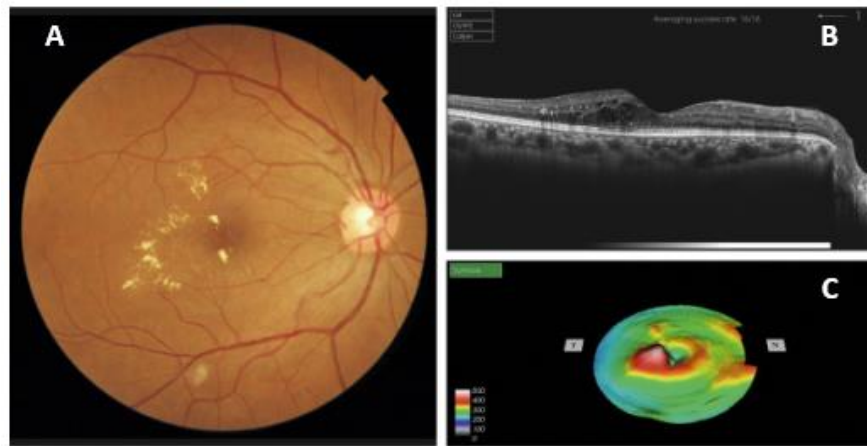
### **1.3.2.3. Tableau clinique**

L'OMD se manifeste par un épaissement de la rétine causé par l'accumulation de liquide intra rétinien, principalement dans les couches plexiformes et/ou nucléaires internes et externes. Il se produit à la suite d'une hyperperméabilité du système vasculaire rétinien en raison de la perturbation de la barrière hémato-rétinienne. Plusieurs classifications peuvent être utilisées pour caractériser l'OMD [31]. Avec l'émergence et le développement de l'OCT de plus en plus précise, les classifications de l'OMD dans les images OCT étaient plus susceptibles d'être proposées et utilisées. Dans la pratique clinique actuelle, il existe 3 formes principales de l'OMD : l'œdème maculaire focal et l'œdème maculaire diffus, cystoïde ou non cystoïde. Ces deux formes peuvent coexister dans le même fond d'œil, c'est ce qu'on appelle l'œdème maculaire mixte.

#### **a. L'œdème maculaire focal**

L'OM focal est un épaissement rétinien localisé de la région maculaire lié à une dilatation et une diffusion focale d'un ou plusieurs micro-anévrismes ou anomalies microvasculaires intrarétiniennes (AMIR). Ces anomalies microvasculaires sont souvent accompagnées d'une couronne d'exsudats intrarétiniens ou formation circinée **Figure. 1.13. A.** Autour de la macula, ils prennent un aspect stellaire en raison de la disposition radiaire des fibres de Henlé. Ce sont des exsudats « durs » ou « lipidiques » provenant d'une accumulation de lipoprotéines au niveau de la jonction rétine œdémateuse-rétine saine. Ces exsudats précipitent dans les couches plexiformes externe et interne de la rétine **Figure. 1.13. B.**





**Figure. 1.13. Œdème maculaire focal.** **A.** Photographie en couleurs. Les exsudats sont organisés en couronne autour des micro-anévrysmes dont ils sont issus. Ils précipitent à la périphérie de la zone œdématisée. **B.** Coupe OCT passant par la zone œdématisée : on observe des kystes intra-rétiens prédominant dans la couche plexiforme externe et les exsudats apparaissent sous forme de lésions hyper-réflexives. **C.** L'œdème s'étend à proximité du centre de la fovéa, sans atteindre le centre. [21]

#### b. L'œdème maculaire diffus

L'œdème maculaire diffus est dérivé de capillaires, de microanévrismes et d'artéριοles fortement endommagés. Il se caractérise par un épaissement plus généralisé de la macula secondaire à une perméabilité anormale généralisée du lit capillaire rétinien qui semble être dilaté de manière diffuse, avec une accumulation de liquide dans le secteur extracellulaire rétinien, indiquant une altération diffuse et aiguë de la BHR interne.

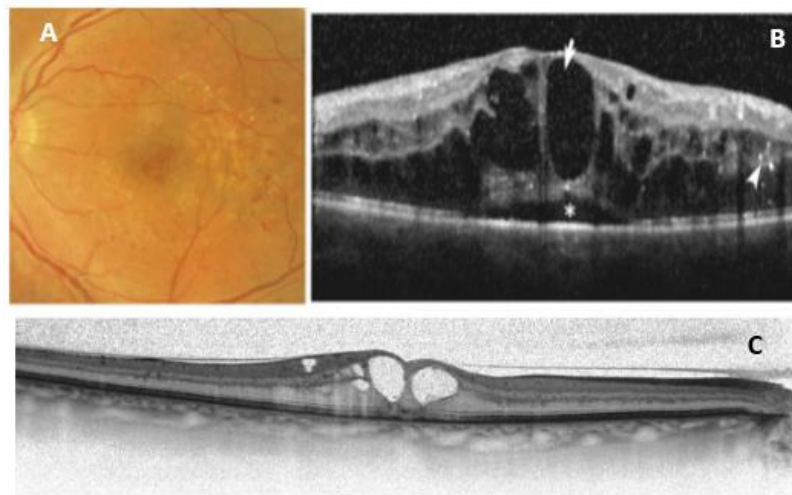
Deux formes sont distinguées : l'œdème maculaire non cystoïde et l'œdème maculaire cystoïde (OMC).

- **L'œdème maculaire non cystoïde**

Cliniquement, il commence par une perte de réflexion fovéolaire puis évolue vers un épaissement rétinien maculaire important. En angiographie, il y a une diffusion étendue de fluorescéine des capillaires maculaires dans le tissu rétinien. L'absence de compartiments kystiques caractérise cette étape, on ne pourra donc parler d'œdème qu'en cas d'épaississement rétinien associé. Son pronostic semble meilleur que celui de l'OMC, l'acuité visuelle n'est souvent pas très mauvaise et la progression est lente.

- **L'œdème maculaire cystoïde**

Il se traduit par un épaissement de la rétine maculaire sous la forme d'une augmentation de l'hypo-réflexivité des couches externes de la rétine, reflétant l'accumulation de liquide observée dans les espaces cystoïdes intra-rétiniennes. Les logettes cystoïdes sont des cavités kystiques hypo-réflexives intra-rétiniennes, situées principalement au niveau des couches nucléaires internes (inner nuclear layer [INL]) ou plexiformes externes (outer plexiform layer [OPL]) de la rétine. Une association a été décrite entre la couche contenant les logettes et l'aspect angiographique de l'OM : un aspect en « nids d'abeilles » correspondrait à des logettes dans l'INL (voir **Figure. 1.14. A, B.**), tandis que les logettes de l'OPL donneraient plutôt un aspect pétaoloïde (voir **Figure. 1.14. C.**) [32]. En pratique clinique, ces corrélations sont de peu d'importance car la présence d'une logette centrale fovéolaire est un élément de gravité.



**Figure. 1.14. OMD sévère en nids d'abeilles. A.** Au fond d'œil, il n'y a ni exsudat, ni hémorragie. On devine les logettes cystiques centrales. **B.** Sur la coupe OCT, on note un épaissement important de la rétine maculaire, des logettes optiquement vides (flèche), surtout présentes dans les couches nucléaire interne et plexiforme externe. Cet aspect optiquement « vide » est souvent associé à un remplissage intense de colorant en angiographie. On note également un décollement séreux rétinien (astérisque) et des points hyper-réflexifs (tête de flèche). **C.** Coupe OCT horizontale. Les deux logettes centrales sont bien visibles ainsi que des logettes de plus petite taille dans les couches nucléaire interne, plexiforme externe et dans la couche des cellules ganglionnaires. [21]

#### 1.4. Techniques d'imagerie rétinienne

L'établissement d'un diagnostic, d'un pronostic et d'une thérapeutique des pathologies rétinienne est principalement basé sur des critères morphologiques d'imagerie. Ainsi, dans cette section du chapitre, nous présentons les techniques de bases de l'exploration de la région

maculaire. Dans le diagnostic initial de la DMLA et OMD, l'imagerie repose essentiellement sur l'angiographie rétinienne et sur la tomographie en cohérence optique (OCT).

#### **1.4.1. L'angiographie rétinienne**

Une angiographie oculaire est un examen médical consiste à prendre des photographies du fond d'œil après avoir injecté un produit de contraste (fluorescéine ou indocyanine) par voie intraveineuse. L'angiographie est indiquée principalement pour établir une analyse précise des lésions néo-vasculaires de la rétine. D'autre part, il permet de poser le diagnostic en vue de prescrire les traitements adaptés à certaines affections de l'œil, notamment, lorsqu'une photo-coagulation au laser est envisagée.

De plus, cette technique n'est capable de fournir des informations détaillées sur l'anatomie de la rétine en coupe transversale, ni de donner une quantification reproductible des paramètres morphologiques de la rétine.

Actuellement, il existe une tendance à freiner la demande d'angiographie pour l'exploration rétinienne en général, et pour la rétinopathie diabétique et la maculopathie en particulier. L'une des principales raisons est le développement d'autres outils d'examen, plus efficaces et moins invasifs comme l'OCT.

#### **1.4.2. La tomographie en cohérence optique (OCT)**

Les 20 dernières années, la technique OCT a connu un développement spectaculaire passant d'un examen expérimental à l'examen de référence pour l'analyse des segments antérieur et postérieur de l'œil. Cette technique a permis des améliorations considérables dans la compréhension de la physiopathologie de certaines maladies et a permis aux cliniciens de caractériser l'état pathologique de leurs patients avec beaucoup plus de précision. Elle offre quasiment tous les avantages : non-contact, sans danger, fiable, reproductible, déléguable et indolore, etc. Ces avantages ont permis à cette technique d'être rapidement et facilement intégrée dans la pratique clinique quotidienne mais aussi dans le cadre de la recherche et des essais cliniques. Il s'agit de l'examen de choix le plus répandu et le plus largement utilisé en ophtalmologie grâce à sa rapidité, sa résolution et sa pénétration dans les tissus oculaires (**Figure. 1.15.**).

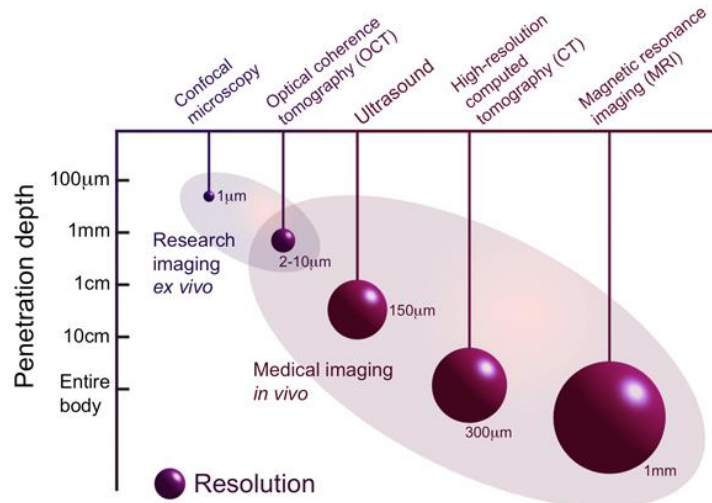


Figure. 1.15. Comparaison de la résolution et des profondeurs d'imagerie de l'OCT avec celles des techniques alternatives ; la longueur du "pendule" représente la profondeur d'imagerie, et la taille de la "sphère" la résolution. [33]

#### 1.4.2.1. Technique et théorie de l'OCT

##### a. Idée principale de l'OCT

L'OCT est souvent comparé à l'échographie médicale en raison de ses principes de fonctionnement similaires. Les deux techniques d'imagerie médicale dirigent des ondes vers le tissu à examiner, où les ondes se répercutent sur la structure du tissu. Les ondes réfléchies sont analysées et leur retard est mesuré pour révéler la profondeur à laquelle la réflexion s'est produite. L'OCT utilise la lumière dans le proche infrarouge, qui se déplace beaucoup plus rapidement que les ultrasons. Les délais des ondes rétro-réfléchies ne peuvent pas être mesurés directement, c'est pourquoi une mesure de référence est utilisée. L'élément de base de tout dispositif d'OCT est un interféromètre de Michelson, permettant de produire des interférences. Grâce à un interféromètre, une partie de la lumière est dirigée vers l'échantillon et une autre partie est envoyée vers un bras de référence d'une longueur bien connue.

L'idée de l'interférométrie à faible cohérence est le principe sous-jacent de toutes les mises en œuvre de l'OCT. La cohérence temporelle est une propriété d'une source lumineuse et caractérise la continuité temporelle d'un train d'ondes émis par la source et mesuré en un point donné de l'espace. Les trains d'ondes sortant d'une source lumineuse de faible cohérence temporelle ne maintiennent une relation de phase fixe que sur un intervalle de temps très limité correspondant à une plage de déplacement confinée, la longueur de cohérence ou porte de cohérence. Une source lumineuse à large bande spectrale est composée d'une gamme de longueurs d'onde. Une telle source à large bande a une faible cohérence, tandis que la lumière

laser monochromatique a une ligne spectrale étroite et présente une longueur de cohérence d'au moins plusieurs mètres. Un interféromètre divise la lumière, provenant d'une source, en deux chemins séparés et combine la lumière revenant des deux chemins à la sortie de l'interféromètre. Là, dans certaines conditions, on peut observer des interférences : des ondes cohérentes se superposent et les amplitudes de leurs champs électromagnétiques s'additionnent de manière constructive (c'est-à-dire qu'elles se renforcent mutuellement) ou destructive (c'est-à-dire qu'elles s'annulent mutuellement) ou répondent à toute condition intermédiaire. L'intensité lumineuse associée peut être mesurée sous forme de signal électrique à l'aide d'un photodétecteur. Ce signal est fonction de la différence de longueur du chemin optique entre les deux bras.[34]

### b. Réalisations techniques de l'OCT

- **TD-OCT (Time-Domain OCT)**

Dans la première mise en œuvre de l'OCT [35], la longueur de référence était modulée pour chaque balayage en profondeur et l'enregistrement de l'intensité de la lumière combinée au niveau du capteur donnait le profil de réflectance de l'échantillon. Cette variante est appelée OCT à domaine temporel (TD-OCT) et la configuration principale est illustrée dans la **Figure 1.16**.

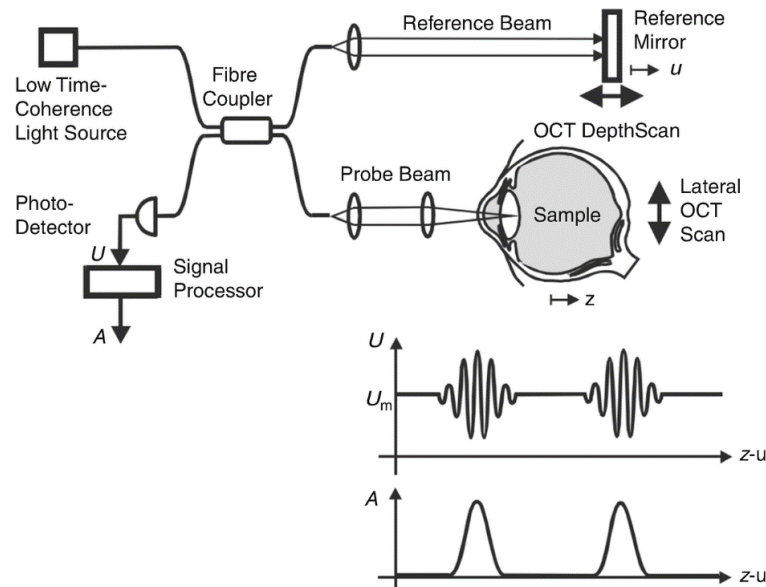


Figure. 1.16. Principe de fonctionnement du TD-OCT.[36]

Comme illustré, la lumière d'une source à faible cohérence est guidée vers l'interféromètre qui, dans cet exemple, est une implémentation basée sur coupleur de fibre. Le faisceau d'entrée

est divisé en un faisceau échantillon et un faisceau de référence qui se déplace vers un miroir en état de translation. La lumière rétro-réfléchiée de chaque bras est combinée et n'interfère que si les longueurs de chemin optique correspondent et que le temps parcouru par la lumière est presque égal dans les deux bras. Les modulations d'intensité sont détectées par la photodiode. La quantité de rétro-réflexion ou de rétrodiffusion de l'échantillon est directement dérivée de l'enveloppe de ce signal (voir **Figure. 1.16**, ligne inférieure). Pour chaque point de l'échantillon, le miroir de référence est balayé dans la direction de la profondeur ( $z$ ) et l'intensité lumineuse est enregistrée sur le photo-détecteur. On obtient ainsi un profil de profondeur complet de la réflectivité de l'échantillon à l'emplacement du faisceau, ce qui, par analogie avec l'imagerie ultrasonore, est appelé A-scan (amplitude scan). Pour créer une image en coupe transversale (ou B-Scan), le faisceau de l'échantillon est balayé latéralement sur l'échantillon. Cette abréviation trouve son origine dans l'imagerie ultrasonore, où B-Scan signifie balayage de luminosité.

- **FD-OCT (Fourier-Domain OCT)**

L'OCT dans le domaine de Fourier (FD-OCT, également appelé OCT dans le domaine de la fréquence) est la deuxième génération de technologie d'OCT et permet une mise en œuvre plus efficace du principe d'interférométrie à faible cohérence. Contrairement à la TD-OCT, la FD-OCT utilise des informations spectrales pour générer des A-scans sans qu'il soit nécessaire de procéder à un balayage mécanique de la longueur du trajet optique. Deux méthodes ont été établies pour acquérir l'information spectrale du signal interférométrique. Toutes deux enregistrent un spectre d'interférence, également appelé interférogramme spectral, à partir duquel le A-scan est immédiatement calculé par transformation de Fourier, sans aucun déplacement du bras du miroir de référence, ce qui accélère considérablement la vitesse d'acquisition. De plus, le rapport signal-sur-bruit va être amélioré, car il est proportionnel au nombre d'éléments de détection.

La FD-OCT basée sur un spectromètre, communément appelée OCT dans le domaine spectral (SD-OCT), a été proposée pour la première fois par Fercher et al. en 1995 [37]. Le principe de la configuration optique est illustré dans la **Figure. 1.17**: il est similaire à la TD-OCT, mais le détecteur ponctuel est remplacé par un spectromètre. Ce dernier crée une décomposition spectrale de l'intensité qui est enregistrée par une ligne de pixels. La transformée de Fourier inverse discrète de cette intensité spectrale donne directement accès au profil en réflectivité. Les pics d'intensité résultant de la transformée de Fourier permettent de localiser les interfaces

de l'objet. Le profil axial n'est donc plus enregistré en fonction du temps mais en fonction de la fréquence.

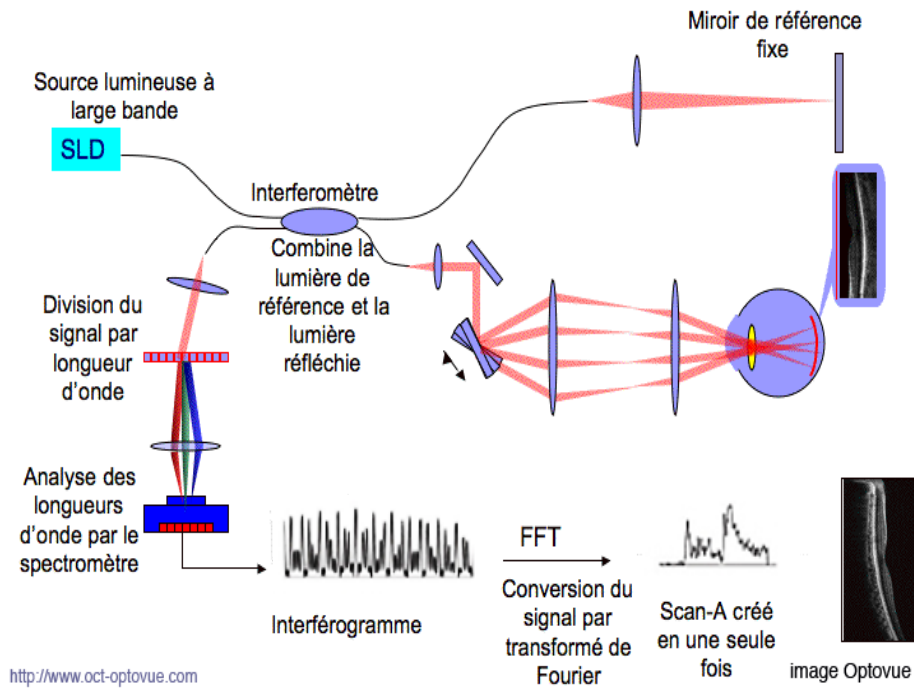


Figure. 1.17. Fonctionnement général de FD-OCT

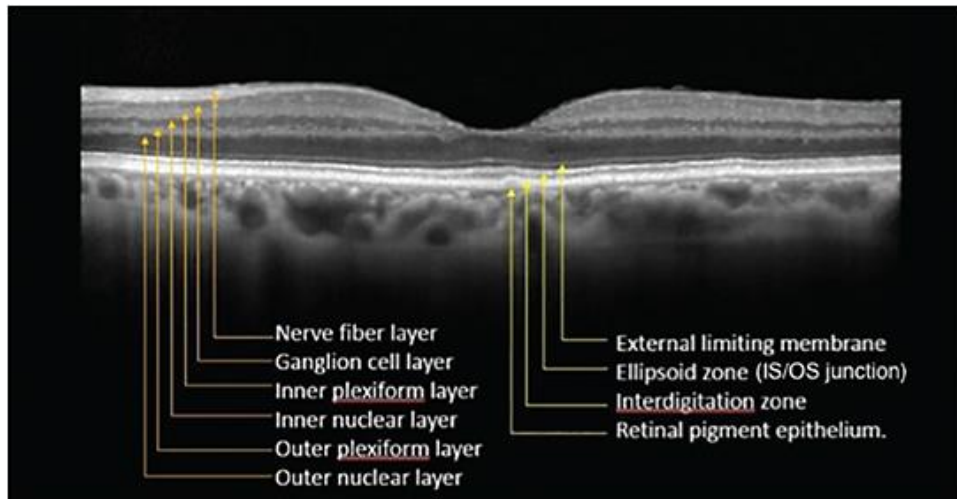
#### 1.4.2.2. Images OCT

Tout au long de nos travaux de thèse, nous nous sommes intéressés à l'utilisation de la FD-OCT pour l'analyse des images rétiniennes acquises dans la zone maculaire et plus particulièrement dans la zone fovéolaire. Comme le niveau d'intensité de la lumière réfléchi par les tissus rétiniens est très faible et qu'il est atténué de façon exponentielle, un affichage des images en niveaux de gris (ou en fausses couleurs pour certains appareils), et sur une échelle logarithmique, est généralement employé pour mieux distinguer les détails des tissus. Une coupe rétinienne typique est présentée à la **Figure. 1.18**. Les définitions des couches rétiniennes mentionnées sont détaillées dans le **Tableau 1.1**.

Tableau 1.1. Définition des couches rétiniennes.

<i>Désignation</i>	<i>Abréviation en anglais</i>	<i>Abréviation en français</i>
<i>ILM</i>	Inner Limiting Membrane	Membrane Limitante Interne
<i>RNFL</i>	Retina Nerve Fiber Layer	Couche des Fibres Optiques

<b><i>GCL+IPL</i></b>	Ganglion Cell Layer + Inner Plexiform Layer	Couche des Cellules Ganglionnaires + Couche Plexiforme Interne
<b><i>INL</i></b>	Inner Nuclear Layer	Couche Nucléaire Interne
<b><i>OPL</i></b>	Outer Plexiform Layer	Couche Plexiforme Externe
<b><i>ONL</i></b>	Outer Nuclear Layer	Couche Nucléaire Externe
<b><i>IS</i></b>	Inner Segments of the photoreceptors	Segments Internes des photorécepteurs
<b><i>OS</i></b>	Outer Segments of the photoreceptors	Segments Externes des photorécepteurs
<b><i>RPE</i></b>	Retinal Pigment Epithelium	Epithélium Pigmentaire
<b><i>HRC</i></b>	Hyper-Reflective Complex	Couche Hyper-Réfléctive



**Figure. 1.18.** Image FD-OCT de la macula d'un œil sain.

Les couches rétiniennes sont bien visibles sous forme de bandes horizontales claires et sombres. En fait, la réflectivité des tissus est hautement directionnelle. Les structures axiales (comme les cellules bipolaires et les photorécepteurs) produisent moins de rétrodiffusion que les structures longitudinales (comme les fibres nerveuses et les couches plexiformes). On sait que la réflectivité est plus faible pour les kystes liquidiens, les œdèmes et l'atrophie des tissus, tandis qu'elle est plus élevée pour la fibrose, les vaisseaux sanguins ainsi que les cicatrices.

En analysant une image OCT, nous pouvons discerner un nombre limité de couches superposées, en fonction de la variation de leur rétrodiffusion. L'œil ayant une géométrie sphérique, les couches rétiniennes proches du vitré sont habituellement nommées couches internes, tandis que les autres, vers la choroïde, sont dites couches externes.



Le complexe HRC et le réseau de fibres optiques (RNFL) ont la plus forte réflectivité, c'est pourquoi ils apparaissent plus clairs que les autres couches. Au contraire, les couches INL et ONL correspondent aux zones les plus sombres en raison de leur faible réflectivité. Les couches GCL+IPL, OPL, ainsi que la membrane limitante externe (MLE=ONL/IS) ont des réflectivités moyennes, ce qui explique qu'elles apparaissent avec des niveaux de gris intermédiaires sur les images. De plus, nous pouvons remarquer qu'il existe de nombreuses zones d'ombre dues à la présence de vaisseaux sanguins, apparaissant comme des bandes verticales plus sombres.

### **1.5. Conclusion**

Dans ce chapitre, nous avons introduit quelques notions générales concernant l'anatomie de l'œil, en particulier la structure de la rétine, et les pathologies qui l'affectent où nous avons abordé leur pathogénie, leurs étiologies et leurs tableaux cliniques. Les techniques d'acquisition des images rétinienne ont été discutées par la suite.

Il a été démontré que les caractéristiques structurelles de la rétine sont étroitement liées à de nombreuses maladies ophtalmologiques. Ainsi, la recherche quantitative sur les caractéristiques de la rétine a une valeur clinique. La tomographie par cohérence optique (OCT), en tant que modalité d'imagerie non invasive, sans marquage et à haute résolution, s'est avérée utile pour diagnostiquer diverses maladies de la rétine. La segmentation précise et fiable des structures anatomiques et pathologiques dans les images OCT est une étape importante de l'étude quantitative des caractéristiques rétinienne. Les appareils d'OCT commerciaux sont généralement équipés d'un logiciel d'analyse d'image capable d'effectuer une segmentation rétinienne avec des taux de réussite variables. Cependant, les détails de leur conception ne sont pas divulgués. En outre, la plupart des méthodes sont conçues pour des équipements spécifiques. Il est donc difficile de les reproduire dans des études indépendantes ou de les faire améliorer par d'autres chercheurs. D'autre part, la segmentation manuelle est souvent un processus long et subjectif.

C'est de là qu'est né notre projet, qui vise à apporter un nouvel éclairage sur la détection des structures rétinienne par l'intermédiaire de traitement d'images. Pour cela, nous avons besoin d'un fond et d'une connaissance suffisante des outils de traitement d'images, ainsi que des recherches actuelles trouvées dans la littérature pour la segmentation des images OCT qui feront l'objet du deuxième chapitre.

## **Chapitre 2**

# **Etat de l'art sur la segmentation d'images OCT de la rétine**

## **2.1. Introduction**

Dans les pays industrialisés, la dégénérescence maculaire liée à l'âge et la maculopathie diabétique sont fait partie aujourd'hui des principales causes de déficiences visuelles graves. Si elles ne le sont pas toujours, ces maladies peuvent être graves lorsqu'elles sont négligées. Elles sont totalement asymptomatiques tout au long de son évolution, jusqu'à l'apparition des complications. La perte visuelle, qui peut être brutale, n'apparaît qu'à ce dernier stade.

D'où l'importance d'un diagnostic précoce qui ne peut être effectué avec certitude que par un examen ophtalmologique annuel comportant un examen de tomographie en cohérence optique, complété si nécessaire par un fond de l'œil et éventuellement d'une angiographie rétinienne dès qu'est détectée une lésion spécifique. Mais ce diagnostic précoce est surtout basé sur la recherche fondamentale et thérapeutique. Par conséquent, l'attention se cristallisa essentiellement sur la mise en œuvre d'un système d'aide au diagnostic de l'OMD et la DMLA permettre d'améliorer la prise en charge des différentes formes de ces maladies. Ainsi, de nombreuses approches ont été proposées dans la littérature pour traiter ce type de problème de recherche.

Ce chapitre est consacré à la présentation des principales méthodes récentes rapportées dans la littérature pour la segmentation des différentes couches rétinienne ainsi que la détection de différentes pathologies rétinienne. Ces diverses approches permet, d'abord, une meilleure compréhension des choix de méthodes de segmentation et d'éclairer le choix des méthodes qui composeront un cadre méthodologique adapté à notre problématique et à la réalité de notre domaine d'application. Chaque approche de segmentation porte des avantages et des inconvénients par rapport à l'autre. Donc le choix d'une telle approche est très délicat et repose sur la connaissance a priori de l'objet qu'en veut mettre en évidence. Cela justifie et prouve l'intérêt de l'état de l'art.

## **2.2. Etat de l'art sur la segmentation d'images OCT de la rétine**

Compte tenu de la difficulté et du caractère fastidieux de la segmentation manuelle (réalisée par les médecins), un certain nombre d'approches automatisées ont été proposées pour segmenter les différentes couches rétinienne. Il existe deux catégories d'applications. Dans la première, les auteurs tentent de déterminer certaines mesures comme l'épaisseur totale de la rétine (l'épaisseur maximale entre l'ILM et l'interface RPE + ChCap / Choroïde) ou l'épaisseur entre les différentes couches rétinienne. Ces mesures permettent de diagnostiquer plusieurs

pathologies. Dans le second, les auteurs tentent de segmenter les couches rétinienne afin de mieux comprendre l'anatomie de la région maculaire.

Plusieurs travaux de recherche ont été réalisés sur la segmentation des images OCT de la rétine qui se différencient par les diverses approches utilisées et de leur tendance à agir d'une manière automatique ou semi-automatique. Toutefois, il sera difficile de classer les méthodes proposées dans la littérature selon les approches utilisées, du fait que les auteurs proposent une segmentation en plusieurs étapes pour arriver à l'objectif souhaité. Mais, la plupart d'entre elles reposent sur trois étapes principales : prétraitements, détection des interfaces et posttraitements (peut remplacer par étape d'extraction de paramètre). Ce sont ces étapes qui structurent l'état de l'art qui suit.

### **2.2.1. Prétraitements**

Comme toute technique d'imagerie qui fonde sa formation d'image sur des ondes cohérentes, les images OCT souffrent de bruit de speckle, ce qui réduit sa qualité [38]. Le bruit de speckle crée une apparence granuleuse qui peut masquer des caractéristiques d'image importantes sur le plan du diagnostic (caractéristiques de réflectivité petites ou faibles) et réduire la précision des algorithmes de segmentation et de reconnaissance de formes [2–4].

Une étape de prétraitement est donc indispensable pour améliorer la qualité de l'image. Le prétraitement peut avoir des effets positifs considérables sur la qualité de l'extraction des caractéristiques et les résultats de l'analyse d'image. Par conséquent, il favorise la recherche et aboutit à des nombreuses techniques de débruitage des images d'OCT. Nous avons distingué que ces techniques peuvent être classées en trois familles distinctes.

La première famille, qui a été également considérée comme la première technique de débruitage à avoir été utilisée, consiste à réduire le bruit des images OCT à l'aide d'un filtre passe-bas. Dans ce contexte, La méthode initiale de segmentation proposée par [39] débrutit les images OCT par un filtre passe-bas avec un noyau central 2D pondéré. En outre, Les auteurs de [40] ont proposé d'appliquer un filtre moyenneur. [41]; [42]; [43]; [44]; [45] ont utilisé un filtre gaussien 2D afin de débruiter les images. L'approche de [46]; [43]; [47] a fait appel à le filtre médian 2D pour supprimer le bruit de speckle.

Malgré les nombreuses améliorations proposées [48]; [49], ces différents filtres provoquent un lissage des contours, d'où la nécessité de trouver une méthode qui assure un filtrage des zones homogènes et conserve le plus de détails possibles (interfaces).

Une seconde catégorie de méthode de débruitage basé sur l'application de filtres de diffusion anisotrope a été suggérée. La diffusion anisotrope, également appelée diffusion Perona-Malik, est une technique visant à réduire le bruit de l'image sans supprimer des parties significatives du contenu de l'image, typiquement des bords, des lignes ou d'autres détails qui sont importants pour l'interprétation de l'image [50] ; [51] ; [52]. Leur principe de base est d'assurer une forte diffusion dans les surfaces homogènes (de faibles gradients) et une diffusion faible au niveau des contours (de forts gradients) en sélectionnant un taux de diffusion adaptatif. Les filtres de diffusion anisotrope corrigent le défaut majeur des filtres isotropes qui lissent les contours.

Compte tenu des résultats importants obtenus par ce type de filtre, il est devenu prépondérant dans l'étape de prétraitement des images OCT. Ainsi, plusieurs chercheurs se sont intéressés à l'utiliser dans leurs travaux. Citons par exemple, dans le travail de [53] un filtre de diffusion non linéaire a été appliqué pour segmenter les couches rétinienne. Les auteurs ont assuré que ce filtre est plus performant que les filtres médian ou gaussien car les bords sont mieux préservés. Les auteurs de [45] ont choisi d'utiliser également la suppression du bruit anisotrope avant la segmentation pour évaluer l'épaisseur de la RNFL. Tandis que, Les auteurs de [54] ont introduit un processus de diffusion à valeurs complexes. Leurs résultats expérimentaux indiquent que la valeur imaginaire sert de détecteur de bord, ce qui a prouvé que leur approche a de bonnes performances dans la suppression du bruit de speckle, l'amélioration et la segmentation des différentes couches cellulaires de la rétine. Cependant, dans le cas d'une perturbation pathologique sévère de la structure rétinienne normale, les performances de l'algorithme sont limitées.

Une approche différente du problème de la segmentation des couches rétinienne a été proposée par [55], où les auteurs se concentrent uniquement sur la délimitation des régions remplies de liquide dans la rétine. Leur algorithme réduit le bruit de speckle à l'aide d'un filtre de diffusion anisotropie et utilise un modèle déformable pour tracer les contours des lésions. Il a prouvé son efficacité en aidant à détecter de nombreuses maladies grâce aux résultats importants qu'il a obtenus. Comme, les auteurs de [56] l'ont utilisé pour réduire le bruit dans les volumes d'OCT et ils ont pu extraire la région de la tête du nerf optique (ONH), une région cruciale pour la détection et le suivi du glaucome. Dans le même contexte, un filtre de diffusion anisotrope à courbure amélioré est appliqué par [57]. Les images filtrées obtenues sont ensuite utilisées pour la segmentation 3D du décollement de l'épithélium pigmentaire séreux qui est une manifestation clinique importante de multiples maladies chorio-rétiniennes. Le modèle

amélioré a également été utilisé en 3D par [38] comme une étape de prétraitement pour segmenter et quantifier le volume de l'œdème maculaire cystoïde.

La troisième catégorie est le débruitage des images OCT par le filtre BM3D (Block Matching and 3D filtering). BM3D est une méthode récente de débruitage basée sur le fait qu'une image a une représentation localement éparse dans le domaine de la transformation. Le filtrage collaboratif est le nom de la procédure de regroupement et de filtrage BM3D. Il est réalisé en quatre étapes : 1) trouver les patchs d'image similaires à un patch d'image donné et les regrouper dans un bloc 3D 2) Transformée linéaire 3D du bloc 3D ; 3) rétrécissement des coefficients du spectre de transformation ; 4) transformation 3D inverse. Ce filtre 3D filtre donc simultanément tous les patchs d'image 2D dans le bloc 3D. En atténuant le bruit, le filtrage collaboratif révèle les moindres détails partagés par les patchs groupés. Les patchs filtrés sont ensuite remis à leur position d'origine. Etant donné que ces patchs se chevauchent, de nombreuses estimations sont obtenues qui doivent être combinées pour chaque pixel. L'agrégation est une procédure particulière de moyennage utilisée pour tirer parti de cette redondance. La première étape de filtrage collaboratif est bien améliorée par une seconde étape utilisant le filtrage de Wiener. Cette seconde étape imite la première étape, avec deux différences. La première différence est qu'il compare les patchs filtrés au lieu des patchs originaux. La seconde différence est que le nouveau groupe 3D (construit avec les échantillons d'images non traités, mais en utilisant les distances de patch de l'image filtrée) est traité par filtrage de Wiener au lieu d'un simple seuil. L'étape d'agrégation finale est identique à celles de la première étape.

Dans [58] les auteurs ont comparé cinq méthodes de débruitage, notamment les méthodes des moindres carrés bayésiens - un mélange de gaussiennes par changement d'échelle (BLS-GSM) [59], les moyennes non locales (NL Means) [60], le filtre de diffusion complexe non linéaire (NCDF) [61], les méthodes d'apprentissage par dictionnaire basées sur les ondelettes complexes (CWDL) [62] et le filtrage BM3D [63]. Afin d'évaluer les performances de l'algorithme de chaque méthode, quatre paramètres ont été calculés par les auteurs, dont le rapport contraste / bruit (CNR), la préservation de la texture (TP), la préservation des contours (EP) et le nombre équivalent de regards (ENL). D'après les mesures obtenues, l'effet global de l'algorithme BM3D est meilleur que les autres. L'algorithme BM3D a donc été utilisé dans cet article pour le traitement du débruitage des images OCT. Ces résultats ont également été confirmés par les auteurs de [64] où ils ont testé tous les algorithmes courants de traitement d'images. Ils ont montré que la qualité de la détection des couches rétinienne est améliorable en utilisant le filtre

BM3D. Ils sont parvenus à détecter sept à huit couches en utilisant le détecteur de bord de Canny.

L'efficacité de ce type de filtre est encore prouvée par divers chercheurs puisqu'ils l'ont employé également pour résoudre le problème de détection des maladies réiniennes. Malgré les altérations des couches réiniennes causées par ces maladies oculaires, le filtre BM3D a conservé toujours sa place dans l'atténuation du bruit.

Afin d'aider au diagnostic, les auteurs [65] ont présenté une technique automatisée pour la segmentation de la couche choroïde et la détection des vaisseaux choroïdes dans les images OCT. Les régions segmentées sont d'abord traitées à l'aide de la BM3D pour éliminer le bruit, puis elles ont été utilisées pour extraire de nombreuses caractéristiques comme la réduction de l'épaisseur et l'appauvrissement des vaisseaux sanguins dans la choroïde. Ces caractéristiques ont finalement été utilisées pour indiquer les différentes déficiences visuelles.

Un autre travail dans le même contexte est celui de [66] où les auteurs présentent une méthode alternative entièrement automatisée qui détecte les maladies réiniennes dans les yeux. Leur approche commence par le débruitage des images d'OCT à l'aide de l'algorithme d'appariement de blocs et de filtrage 3D (BM3D). Ils ont ensuite fini par classer chaque image OCT comme normale, contenant une DMLA sèche ou contenant une OMD.

On peut aussi citer la méthodologie de S. Amaladevi et son équipe [67] où ils ont utilisé pendant la phase de prétraitement l'algorithme de BM3D pour supprimer le bruit de speckle. Les images traitées sont ensuite intégrées dans un CNN préformé basé sur GoogLeNet et VGGNet pour classer les maladies réiniennes telles que la dégénérescence maculaire liée à l'âge (DMLA) et l'œdème maculaire diabétique (OMD).

### **2.2.2. Segmentation des couches réiniennes et des interfaces**

L'arrivée l'OCT a changé la façon dont les pathologies réiniennes sont diagnostiquées et gérées. L'imagerie OCT permet une imagerie transversale non invasive de la rétine humaine [68], surtout depuis l'introduction de l'OCT dans le domaine spectral (SD-OCT) [69] ; [70]. Elle a été la révolution de l'imagerie oculaire des dernières années. En raison de sa vitesse d'imagerie et de sa résolution supérieure, les cliniciens peuvent obtenir des images en coupe transversale à haute résolution, et la structure des couches réiniennes peut être identifiée sur les images réiniennes SD-OCT.

En fait, l'utilisation d'images volumétriques haute résolution de la rétine permet aux chercheurs de se concentrer sur le diagnostic clinique des maladies et les effets de chaque maladie sur les couches et la forme de la rétine. La quantification précise de la structure rétinienne telle qu'observée dans l'imagerie SDOCT peut donc contribuer à développer la recherche sur les maladies de la rétine et à améliorer le diagnostic. Ainsi, l'extraction des informations structurelles des couches de la rétine devient de plus en plus importante, notamment pour quantifier la mesure de l'épaisseur de ces couches et pour détecter les lésions rétinienne. La segmentation des couches rétinienne joue donc un rôle essentiel dans l'analyse quantitative.

Les appareils OCT commerciaux sont généralement fournis avec un logiciel de segmentation embarqué, conçu pour générer des valeurs rapides et fiables à interpréter par les cliniciens. Ce logiciel s'est historiquement limité à l'épaisseur totale de la rétine et l'épaisseur de la couche de fibres nerveuses [71]. Quant aux autres caractéristiques oculaires d'intérêt, comme l'épaisseur de la couche des photorécepteurs, les données quantitatives sont principalement obtenues par segmentation manuelle [44]. La segmentation manuelle est non seulement exigeante pour les évaluateurs experts, mais elle est également une tâche fastidieuse extrêmement longue pour une utilisation clinique ou pour des essais multicentriques à grande échelle. En outre, la variabilité inhérente entre les évaluateurs donne des résultats subjectifs. Les résultats de l'analyse manuelle dépendent beaucoup de l'expérience personnelle de l'ophtalmologiste et il n'existe pas non plus de normes de quantification et d'évaluation uniformes.

En plus, la définition des limites rétinienne varie selon les fabricants, différentes bandes réfléchissantes, telles qu'elles sont visibles sur les images OCT, étant choisies pour représenter la marge rétinienne postérieure. Cela rend difficile les comparaisons quantitatives de l'épaisseur de la rétine entre les appareils commerciaux [72]. Certains instruments, comme l'OCT-1 Atlantis de Topcon DRI (Topcon Corp, Tokyo, Japon) et le dernier OCT Spectralis (Heidelberg Engineering, Heidelberg, Allemagne), sont maintenant fournis avec un logiciel capable de segmenter un certain nombre de couches intra-rétinienne. De plus, les logiciels commerciaux sont presque toujours limités à l'utilisation d'images capturées par l'appareil principal, et ne peuvent pas être appliqués aux images provenant d'autres appareils OCT[71]. La diversité des méthodes de segmentation et des valeurs normatives brouille les comparaisons entre les systèmes commerciaux [73] ; [74] ; [75].

Par conséquent, la détection et la quantification rapide, précise et objective des caractéristiques de la rétine est la clé de la recherche médicale sur les images OCT et du



diagnostic des maladies ophtalmiques, et cette étude a une signification théorique importante et une valeur pratique. Afin de réaliser la détection et la quantification des caractéristiques rétinienne, les technologies de traitement et d'analyse d'images par ordinateur ont été largement appliquées dans le domaine des images médicales OCT. Depuis plusieurs décennies, une multitude d'algorithmes de segmentation rétinienne ont été développés. Ces algorithmes peuvent être classés dans deux catégories : l'une est conçue pour explorer la morphologie normale de la rétine et pour limiter les différentes couches rétinienne chez les cas sains. Tandis que la deuxième catégorie est destinée principalement soit à l'extraction de la zone pathologique dans des cas de maladie connus, soit à l'extraction de caractéristiques et la classification de certains types de maladies.

Dans cette section, un certain nombre d'approches apparues dans la littérature pour la segmentation des images OCT pour les cas sains et pathologiques sont décrites.

#### **2.2.2.1. Segmentation des couches rétinienne chez des sujets sains :**

La segmentation des couches rétinienne est un domaine de recherche actif et elle a attiré un grand nombre de recherches depuis l'introduction de l'OCT. Plusieurs méthodes ont été proposées, certaines axées sur le nombre de couches à segmenter, d'autres sur l'efficacité du calcul. La segmentation des images rétinienne est un défi et nécessite des méthodes d'analyse automatisées. À cet égard, une série de méthodes de segmentation ont été abordé pour identifier les limites des couches rétinienne avec différents niveaux de succès.

La plupart des méthodes initiales étaient basées principalement sur les variations d'intensité et les méthodes de détection des bords pour segmenter seulement quelques couches et extraire les limites de la rétine, ce qui a été étudié dans les travaux [3-17].

La méthode de segmentation initiale proposée par Hee, et al. était basée sur la variation d'intensité et a démontré le potentiel de l'OCT comme outil quantitatif pour mesurer l'épaisseur totale de la rétine et du RNFL [76]; [39]. Cette toute première méthode utilisait une approche à noyau de détection des bords 1D. Plus précisément, le noyau de détection identifiait les deux bords les plus forts dans chaque balayage A (A scan) en utilisant la détection des pics dans plus de 90 % des balayages A.

En revanche, George et al. ont utilisé un double seuil pour segmenter la rétine et la structure des chorio-capillaires à partir d'images OCT [77]. Malheureusement, très peu d'informations sont disponibles sur ce travail. Cependant, le seuillage simple est sensible au bruit et aux

inhomogénéités d'intensité dans les images OCT car il ne prend pas en compte les caractéristiques spatiales de l'image.

Koozekanani et al. ont introduit un modèle de champ aléatoire de Markov (MRF) pour extraire les limites internes et externes de la rétine à partir de scans radiaux de la macula [78]. Ce modèle autorégressif s'est révélé plus robuste sur la région maculaire des rétines normales que les méthodes de seuillage standard par colonne.

En 2005, des algorithmes basés uniquement sur la variation d'intensité ont également été présentés [79]; [40]; [54]. En général, ces algorithmes ont surmonté les limites du logiciel commercial OCT3/Stratus OCT et ont également fourni des informations quantitatives supplémentaires. Par exemple, Shahidi et al. [79] ont segmenté trois segments rétiens en utilisant une simple recherche de pics correspondant à des bandes de forte et de faible intensité, et une approche améliorée de détection des bords utilisant la corrélation entre les balayages A axiaux a été présentée dans une étude plus récente [80]. Ishikawa et al. [40] ont utilisé un filtre médian modifié et une méthode de seuillage adaptative basée sur l'histogramme de réflectivité de chaque ligne de balayage (A) pour segmenter les structures à quatre couches dans la rétine.

Bien que ces méthodes puissent être efficaces, elles ont rencontré quelques problèmes. Les résultats de segmentation de ces méthodes sont limités par la discontinuité de l'intensité et les incohérences dans les couches rétiennes.

Par conséquent, d'autres approches de segmentation améliorées [18-24] ont été proposées. Par exemple, Fabritius et al. [81] ont incorporé des informations 3D pour améliorer cette méthode, mais ils n'ont extrait que deux limites, la MLI et l'EPR. Yang et al. [82] ont utilisé des informations de gradient locales et globales pour segmenter neuf frontières. Cependant, la limite de cette méthode est qu'elle n'a pas utilisé les informations de corrélation spatiale pour lisser les contours entre les images adjacentes.

Différentes approches utilisant des algorithmes de contour actifs ont été utilisées pour la segmentation d'images OCT, en minimisant la fonction d'énergie composée de connaissances préalables sur la forme, d'informations sur les bords et d'informations régionales. A titre d'exemple, Mujat et al. [45] ont utilisé des splines déformables pour évaluer l'épaisseur du RNFL dans des images SDOCT. Bien que tous les paramètres du modèle aient été définis sur la base d'un grand nombre de scans OCT dans différentes zones rétiennes, l'initialisation des contours reste un problème majeur car elle doit être proche des véritables emplacements des

limites. En outre, bien que la sensibilité à l'initialisation n'ait pas été signalée dans cette étude, l'approche était très vulnérable à l'existence de vaisseaux sanguins et d'autres caractéristiques morphologiques de la rétine.

En 2009, Yazdanpanah et al. [83] ont présenté un algorithme de contour actif minimisant l'énergie de Chan-Vese modifié dans un cadre multi-phase pour segmenter les données SDOCT de modèles de rongeurs. Cette approche incorpore un antécédent de forme circulaire basé sur la connaissance anatomique des couches rétinienne par des experts, évitant ainsi le besoin d'entraînement. Bien que la sensibilité de l'algorithme par rapport aux paramètres du modèle et à l'initialisation n'ait pas été testée, les résultats expérimentaux ont montré que cette approche était capable de détecter avec une bonne précision les couches rétinienne souhaitées dans les images rétinienne OCT de rats par rapport à la segmentation de la vérité terrain utilisée dans les évaluations réalisées. De plus, l'algorithme n'a pas été évalué pour des images incluant la fosse fovéale.

Plus tard, Mishra et al. [84] ont également présenté un algorithme de contour actif modifié basé sur une méthode de programmation dynamique clairsemée et un schéma d'optimisation à noyau en deux étapes. Bien que cet algorithme efficace permette une segmentation intra rétinienne précise sur des images OCT de rongeurs dans des conditions de faible contraste d'image et en présence de caractéristiques structurelles de forme irrégulière, les résultats sur des images incluant la région de la fosse fovéale n'ont pas été donnés et aucune évaluation quantitative utilisant un grand ensemble de données n'a été fournie.

En comparant les méthodes initiales, les algorithmes de contour ont montré de bonnes performances en termes de résistance au bruit 2D et d'erreur, mais ils sont limités par la prédétermination des points de départ qui sont utilisés dans la convergence du chemin optimal, ce qui rend l'extension de ce modèle déformable à une analyse d'image quotidienne difficile et peu pratique.

Plusieurs chercheurs ont récemment exploré l'utilisation de techniques d'apprentissage automatique et de reconnaissance des formes pour la segmentation des couches rétinienne.

Méthodes de reconnaissance des formes : Les structures des images médicales pouvant être considérées comme des formes, les techniques de reconnaissance des formes peuvent être utilisées dans les procédures de segmentation. Il existe des méthodes de classification supervisée et non supervisée utilisées pour effectuer la segmentation. Les algorithmes de

classification supervisée sont des techniques de reconnaissance des formes qui nécessitent des données d'entraînement segmentées manuellement, qui sont ensuite utilisées comme références pour la segmentation automatique de nouvelles données. Les algorithmes supervisés typiques comprennent les réseaux neuronaux artificiels (ANN), les machines à vecteurs de support (SVM) et les modèles d'apparence actifs (AAM). Kaji'c et al. [7] ont développé une approche pour segmenter 8 couches en utilisant un grand nombre d'images segmentées manuellement qui ont été utilisées comme entrée d'un modèle statistique. L'apprentissage supervisé a été effectué en appliquant la connaissance des formes attendues des structures, de leurs relations spatiales et de leurs apparences texturales. Vermeer et al. [9] ont présenté également une méthode automatisée pour segmenter 6 couches rétinienne en utilisant des classificateurs d'apprentissage automatique qui ont été formés sur la base de sujets étiquetés manuellement. Lang et al. [11] ont segmenté les images OCT en 8 couches rétinienne en utilisant un classificateur de forêt aléatoire qui a appris les pixels de frontière, mais des modifications sont nécessaires pour l'utiliser avec des pathologies. Les algorithmes de classification non supervisée, également appelés algorithmes de regroupement, ne nécessitent pas d'ensemble d'apprentissage, mais ils ont besoin de paramètres initiaux pour effectuer la segmentation. Parmi les algorithmes de classification non supervisés couramment utilisés, citons l'algorithme Fuzzy C-means (FCM), l'algorithme Iterative Self-Organizing Data Analysis Technique (ISODATA) et le réseau neuronal non supervisé (Cheng et al., 1996 ; Mohamed et al., 1998 ; Wong et al., 2002).

Récemment, certaines méthodes de segmentation sont basées sur des modèles plus complexes. Les méthodes de recherche graphique optimale ont été prouvées comme des techniques utiles pour la segmentation des images SD-OCT avec des degrés de succès variables. Les auteurs Zhihong Hu et al. [8] ont appliqué l'algorithme de recherche graphique pour identifier de manière semi-automatique la couche choroïdienne, Sieun Lee et al. [9] la limite interne de la membrane (ILM), la membrane de Bruch (BM) et la limite de la choroïde sclérale ont été segmentés automatiquement en utilisant un algorithme de découpe graphique 3D, David Alonso-Caneiro [10] cet article se base sur la théorie de la recherche graphique pour segmenter la limite interne de la choroïde (ICB) et la limite externe de la choroïde (OCB) pour obtenir le profil d'épaisseur de la choroïde. Une méthode combinée de recherche graphique a été utilisée pour segmenter les surfaces choroïdiennes par les auteurs Li Zhang et al, 2015[11]. Un algorithme de segmentation innovant basé sur une recherche graphique avec un schéma de pondération de la probabilité des bords a été développé par L. Beaton et al, 2015[12] pour mesurer l'épaisseur de la choroïde (CT). La segmentation multicouche basée sur le graphique a

été utilisée pour déterminer les épaisseurs transversales et longitudinales des couches rétinienne ont été discutées par Pavan Bhargava et al, 2015[13]. Quatre couches rétinienne ont été segmentées à l'aide de l'hyperbolisation de l'histogramme flou pour la technique d'amélioration, et du flux max continu pour la segmentation par les auteurs Bashir I. Dodo et al., 2017[14]. C'est pour cette raison que cette méthode mathématique est le choix de base pour segmenter les différentes couches rétinienne chez les sujets sains dans notre travail de thèse.

#### **2.2.2.2. Segmentation des couches rétinienne chez des sujets pathologiques :**

Dans la littérature, de nombreuses approches ont été proposées pour identifier les différents troubles maculaires. A partir d'images OCT, certains groupes de chercheurs ont développé des algorithmes permettant de classer les patients en différentes maladies ou normaux. Alsaih et al. [173] ont proposé une méthode de détection automatique de la DME sur des volumes OCT. Un ensemble de différents vecteurs de caractéristiques a été créé en utilisant l'histogramme des gradients orientés (HOG) combiné avec des motifs binaires locaux (LBP) qui sont alimentés à un classificateur VSM linéaire. Leurs résultats en termes de sensibilité et de spécificité sont respectivement de 75% et 87%. Sankar et al. [174], en se basant sur la modélisation de l'apparence des images OCT normales, ont utilisé une stratégie semi-supervisée pour classer les volumes DME par rapport aux volumes OCT normaux en utilisant un modèle de mélange gaussien (GMM). Les caractéristiques d'intensité et de LBP sont utilisées. Les résultats obtenus sont un SE et un SP de 93,8 % et 80,0 % respectivement. Pour la détection de la DMLA, Albarrak et al. [175] proposent un classificateur de réseau bayésien utilisant les caractéristiques LBP-TOP et HOG combinées avec LBP-TOP. Leurs résultats de performance en termes de SE et SP ont atteint 92,4% et 90,5% respectivement. Sinon, d'autres études sont axées sur la multi classification, c'est-à-dire la classification de la DMLA, de la DME et des cas normaux (trois classes). Yu et al. [176] ont proposé un modèle de diagnostic assisté par ordinateur (DAO) pour discriminer la DMLA, l'OMD et la macula saine. En utilisant l'algorithme de sélection de sous-ensembles de caractéristiques basé sur la corrélation (CFS), les caractéristiques basées sur le motif de configuration linéaire (LCP) ont été passées au crible. Ils ont atteint une précision de 99,3 % en utilisant l'optimisation minimale séquentielle (SMO).

### **2.3. Conclusion**

Il convient de mentionner que les méthodes de segmentation automatisées ne remplaceront jamais les médecins, mais qu'elles deviendront probablement des éléments cruciaux de l'interprétation des images médicales. Les ingénieurs, les mathématiciens, les physiciens et les

médecins qui s'efforcent de faire progresser le domaine de l'analyse des images d'OCT doivent donc relever de nombreux défis pour améliorer la prise de décision clinique basée sur le traitement automatisé des données d'OCT, comme indiqué dans ce chapitre.

Dans ce chapitre, nous avons présenté les différents travaux reportés dans littératures pour la détection de la rétinopathie diabétique et la dégénérescence maculaire liée à l'âge.

## **Chapitre 3**

# **Segmentation des couches rétinienne chez des sujets sains**

### **3.1. Introduction**

Comme nous l'avons détaillé dans la littérature, les couches rétinienne dans les images OCT fournissent différents aspects sur l'état de santé du patient. En effet, une image haute résolution de la rétine peut être un argument de poids pour diagnostiquer un large éventail de pathologies. Connaître l'anatomie d'une rétine saine, d'éventuelles anomalies architecturales, l'aspect des couches rétinienne ou le flux vasculaire sont des informations précieuses qui, dans un contexte clinique particulier, aident le médecin à poser le diagnostic précocement (exemple: la dégénérescence maculaire liée à l'âge et la maculopathie diabétique).

C'est pour ces raisons qu'il faut recourir à un ensemble de méthodes afin d'assurer la segmentation des différentes couches. Beaucoup d'efforts ont été faits sous la forme de programmes de segmentation et de dépistage pour la prévention et la détection précoce. En raison de l'énorme quantité de données collectées par ces programmes, le besoin d'interprétation automatique par ordinateur est devenu incontournable.

L'introduction des techniques numériques dans le domaine médical a permis d'utiliser des méthodes de segmentation et de classification pour analyser les images OCT, et détecter différentes pathologies. Ces méthodes sont d'une grande importance dans les routines cliniques, où les ophtalmologistes peuvent les utiliser pour surveiller la progression de la maladie ou la réponse au traitement.

Dans la littérature, plusieurs techniques de segmentation et de classification sont appliquées dans le domaine de l'analyse d'images rétinienne en OCT. Chacun est basé sur un principe donné. Dans ce chapitre, nous présenterons principalement notre prototype proposé qui prépare des images rétinienne pour un système d'aide au diagnostic ou à la détection en OCT, améliorant la détection des couches rétinienne chez les sujets sains.

Le présent chapitre est structuré de la manière suivante: Dans un premier temps, nous présenterons brièvement le processus général choisi pour la segmentation. Dans un second temps, nous préservons les différentes étapes en mettant en évidence certains de ces avantages et inconvénients.



### 3.2. Système Proposé Pour La Segmentation Et L'analyse Des Images OCT De La Rétine

Rappelons que l'objectif principal de cette thèse est de réaliser une segmentation et une analyse d'images OCT de la rétine pour l'étude de la variabilité rétinienne. Pour atteindre cet objectif, un système d'analyse des images rétinienne est proposé (**Figure. 3.1**).

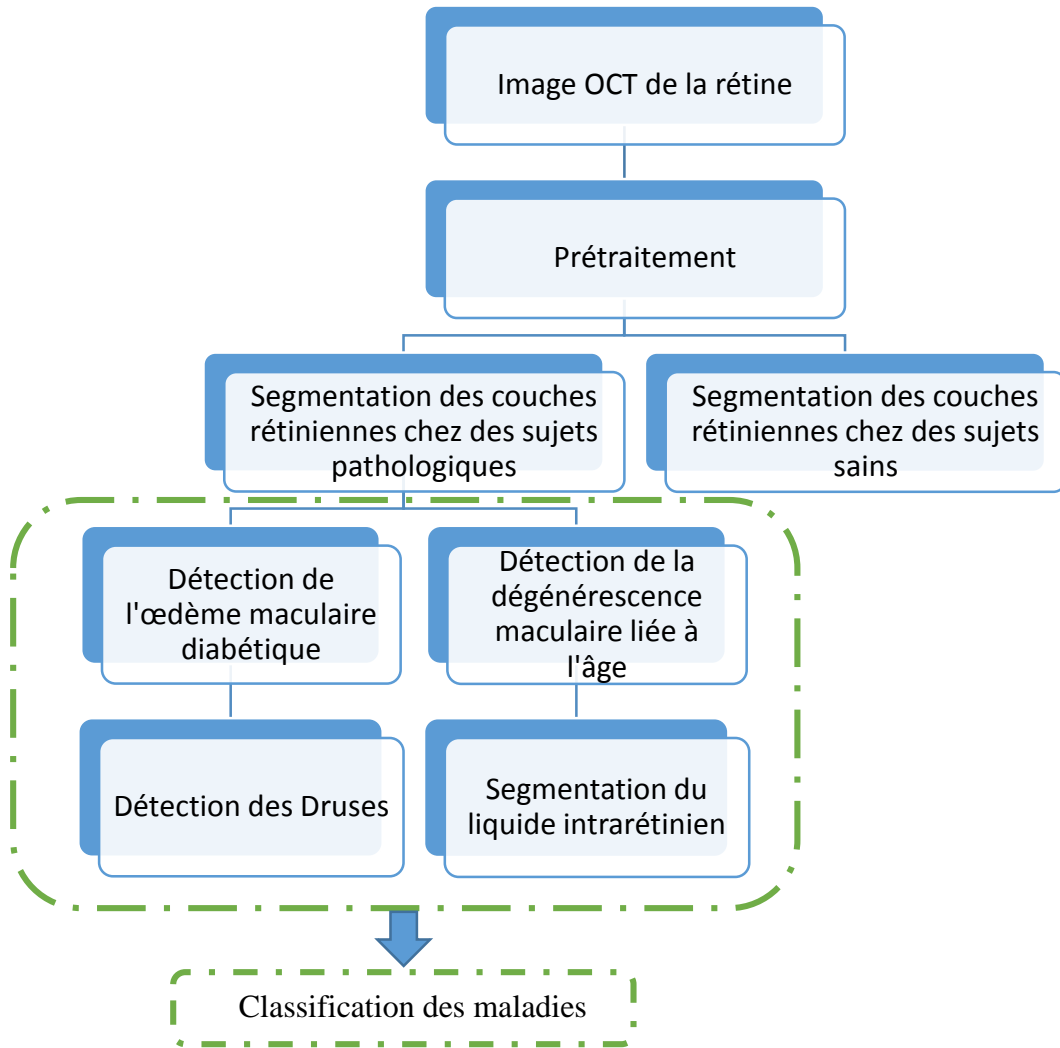


Figure. 3.1. Synopsis de l'algorithme général de l'analyse et de segmentation des images OCT de la rétine.

Ce système s'articule autour de trois phases générales. Ces phases sont décrites comme suit :

#### 3.2.1. Évaluation de la qualité de l'image

La qualité de l'image OCT est liée à différents paramètres dont certains sont bien connus : polarisation, traitement du signal et de l'image, mise au point, etc. Cependant, des erreurs relativement fréquentes entraînent des artefacts et des fausses images pathologiques qu'il est important de reconnaître. Ces artefacts peuvent avoir une triple origine. Elles sont liées soit au

patient (mouvements oculaires, perturbations de l'environnement, mauvaise fixation), soit à l'opérateur (mauvais positionnement du scanner ou choix du protocole d'examen), soit au logiciel OCT lui-même (erreurs de mesure d'épaisseur) [85]. Ces nombreux facteurs peuvent affecter le processus d'acquisition et se traduire par des images floues et de mauvaise qualité limitant souvent l'interprétation visuelle et automatique de la scène. Il est alors nécessaire de prétraiter les images avec des méthodes de restauration et de filtrage appropriées avant de procéder à leur analyse [86]. Les différentes méthodes de filtrage et de restauration utilisées sont détaillées par la suite dans les sections suivantes.

### **3.2.2. Segmentation et analyse des images OCT de la rétine saine**

La seule condition pour interpréter les images OCT est la nécessité de bien comprendre et de connaître l'anatomie normale du fond de l'œil. A partir de cette connaissance détaillée de la structure maculaire normale, il est ainsi possible de déterminer des anomalies à type de déformation, désorganisation (perte de stratification), interruption, fragmentation, disparition partielle ou totale ou changement de réflectance des différentes couches.

Avec ces considérations, la segmentation des couches réiniennes à partir d'images OCT est fondamentale pour diagnostiquer l'évolution des maladies réiniennes. Dans cette étude, nous montrons que les couches réiniennes peuvent être localisées automatiquement et/ou interactivement avec une bonne précision en utilisant la méthode de segmentation que nous proposons (qui est décrit plus en détail dans les sections suivante).

### **3.2.3. Segmentation et analyse des images OCT de la rétine pathologique**

L'application envisagée vise à une classification automatisée des pathologies réiniennes, l'œdème maculaire diabétique (OMD) et la dégénérescence maculaire liée à l'âge (DMLA), car ils représentent la majorité des sujets ayant une perte de vision irréversible dans les pays développés et en développement [87] ; [88] ; [89]. Dans le cas du OMD, du liquide s'accumule [90] et dans le cas de la DMLA sèche, des druses se déposent entraînant une atrophie géographique, entraînant ainsi la déformation des couches réiniennes [91] ; [92]. Dès le début de la maladie au fur et à mesure de sa progression, les couches réiniennes se déforment et se détachent des couches qui entraînant une perte de vision. Un diagnostic précoce par l'inspection des déformations des couches, la présence de fluides, l'atrophie géographique et les druses, est crucial pour maîtriser la perte de vision.

Un tel processus d'inspection visuelle a été fragmenté en blocs d'analyse d'images pour réduire la charge de travail de l'ophtalmologiste et pour des applications cliniques à distance. Ces blocs sont destinés à la suppression du bruit, à la segmentation des couches, à la quantification des caractéristiques et enfin à la classification.

### **3.3. Description des bases de Données**

Une base de données, dans sa définition la plus simple, est l'emplacement où les données peuvent être stockées de façon structurée. Généralement stockées électroniquement sur un ordinateur, ce qui les rend consultables par des programmes informatiques ou des utilisateurs, comme les experts de la santé. Elle permet d'accéder, de gérer, de manipuler et de mettre à jour facilement les données.

En général, les bases de données intègrent un ensemble d'informations provenant de différentes sources, le plus souvent distribuées et hétérogènes. Ces sources de données aident à fournir une vue holistique des informations aux analystes et aux experts de différents domaines. Dans le domaine médical, les spécialistes s'appuient sur des bases de données pour diverses raisons. En effet, ils peuvent être utilisés à des fins statistiques ou pour étayer un diagnostic existant. Aujourd'hui, dans le cadre de nombreuses pathologies, un médecin peut bénéficier d'outils d'aide à la décision. Il s'agit d'algorithmes qui aident les médecins à prendre en compte toutes les données nécessaires pour obtenir des rapports de synthèses permettant de fournir des décisions médicales correctes et efficaces.

Rappelons que notre travail de thèse se focalise principalement sur le développement d'un système d'aide à la décision permettant aux ophtalmologistes d'étudier la variabilité rétinienne en analysant les images OCT de la rétine. Ce système sera implémenté en intégrant des bases d'images d'OCT de la rétine. Deux différents types de base d'images ont été utilisés. La première sous forme d'une base de données réelle qui a été créée par notre équipe, tandis que la seconde correspond à une base de données standard accessible en ligne. Ces bases de données nous permettent considérablement d'évaluer et de valider le système développé en le comparant aux travaux reportés dans l'état de l'art. Elles conduisent à la mise au point de meilleurs algorithmes. Dans cette section, nous allons fournir une description complète de ces bases de données utilisées.

#### **3.3.1. Description de la base de données reconstruite**

Notre initiative de créer cette base de données locale s'explique par l'indisponibilité d'une base de données standard et universelle contenant les différents paramètres déjà discutés avec les médecins concernés. C'est pour cette raison que nous nous sommes trouvés dans l'obligation de collecter et de préparer notre propre base de données.

Notre base de données (BDD) a été collectée en collaboration avec la clinique LAZOUNI Tlemcen. Cette base contient actuellement de 161 patients (96 hommes et 65 femmes). Elle contient 197 images OCT en niveaux de gris. Les images collectées sont acquises par le dispositif de tomographie par cohérence optique nommé *OptovueRTVue XR* dans le domaine spectral (SD-OCT), avec une vitesse de balayage de 70 000 A-scans par seconde, une longueur d'onde de  $\lambda = 840 \pm 10$  nm et une résolution axiale de 5  $\mu$ m et 15  $\mu$ m transversalement. Ces images sont enregistrées au format JPG, avec une taille de 1020 \* 960 pixels. Cette collecte de données a été faite sur une période d'une année. Les représentations graphiques suivantes (**Figure. 3.2.**), (**Figure. 3.3.**) et (**Figure. 3.4.**) montrent la répartition des patients selon le sexe, l'âge, ainsi que l'état de santé du patient.



**Figure 3.2. Répartition de la base de données selon le sexe.**

La **Figure 3.2.** montre les proportions des patients de sexe féminins et masculins représentées dans notre base de données collectée.

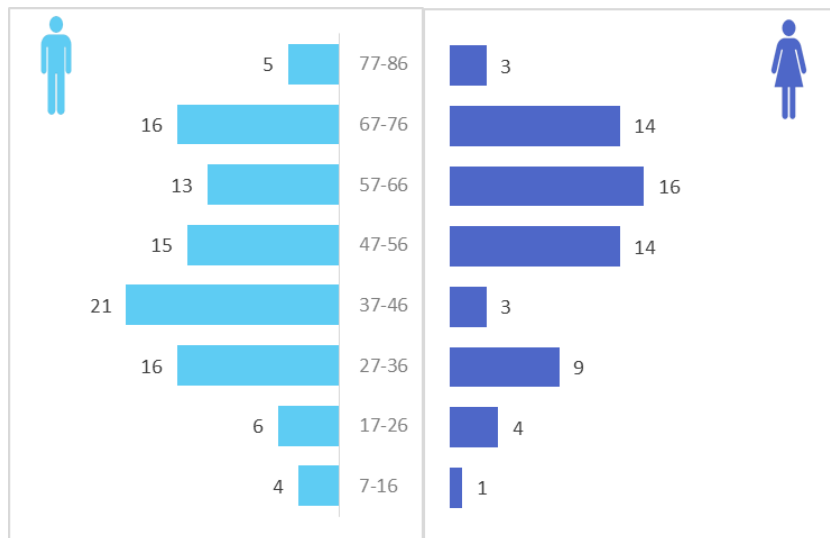


Figure 3.3. Répartition de notre base de données selon l'âge.

La **Figure 3.3.** montre la pyramide des âges pour l'ensemble de la population dans la base de données. Nous avons essayé de traiter différentes tranches d'âge afin que l'analyse soit homogène et englobe chaque catégorie de cette population.

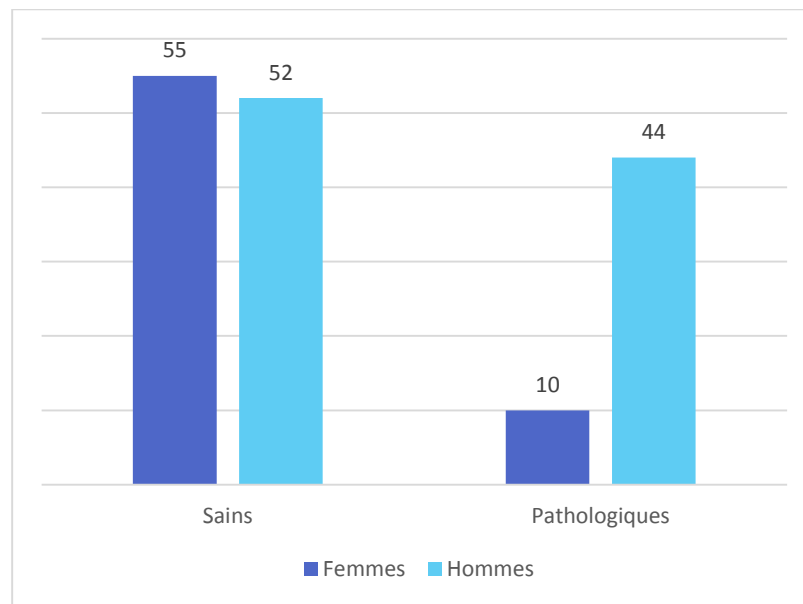
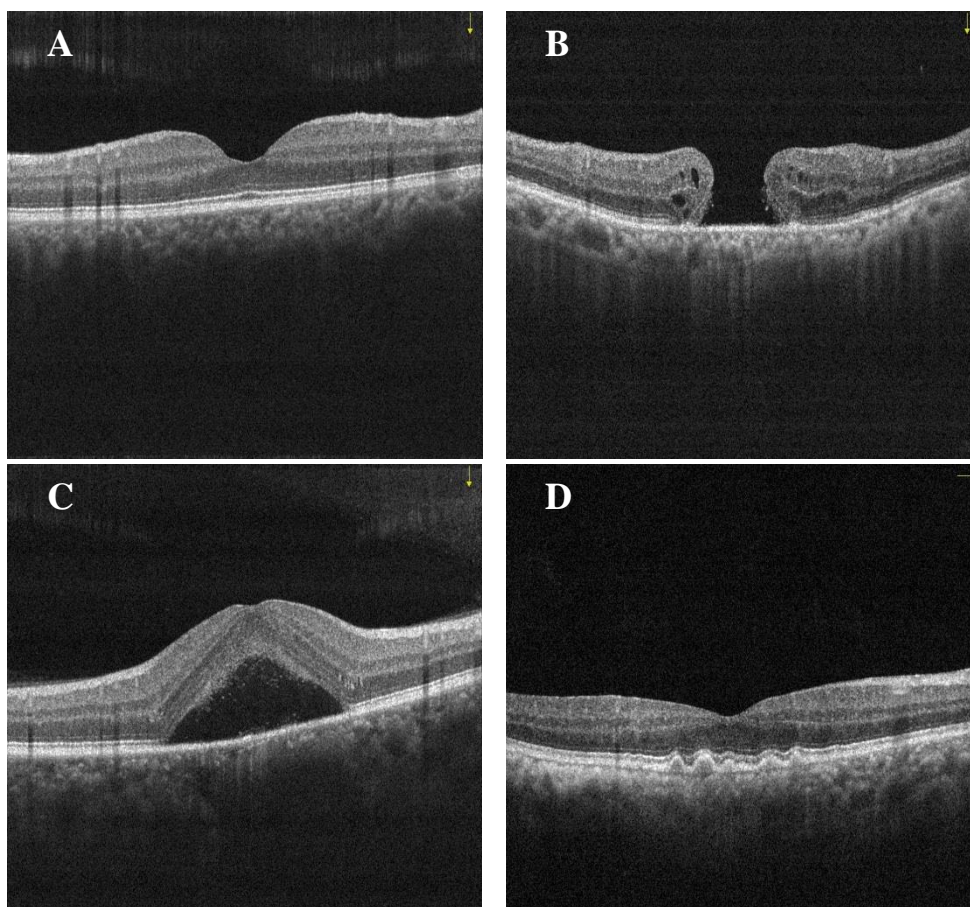


Figure 3.4. État de santé perçu selon le sexe de la population de la base de données

La **Figure 3.4.** illustre une statistique qui présente la perception de l'état de santé général des patients selon leurs genres. Notre BDD regroupe 124 images sains et 73 images pathologiques (trou maculaire, dégénérescence maculaire liée à l'âge, décollement séreux de la rétine).

Notre objectif principal dans cette tâche de collecte de données est de pouvoir compter sur la coopération de plusieurs ophtalmologistes et médecins, et ce afin d'enrichir notre base de

données. Nous comptons poursuivre cette opération de collecte de données à l'avenir afin de réaliser une base de données aussi riche que variée. Un exemple d'image de notre base de données collectée est montré dans la **Figure 3.5**.



**Figure 3.5.** Exemples d'images de la base de données reconstruite ; (A) image originale ; (B) trou maculaire ; (C) décollement séreux de la rétine ; (D) dégénérescence maculaire liée à l'âge.

### **3.3.2. Description de la base de données standard**

Une autre base de données (Srinivasan BOE\_2014 dataset) a été utilisée dans ce travail qui est disponible sur : [http://www.duke.edu/sf59/Srinivasan,BOE2014\\_dataset.htm](http://www.duke.edu/sf59/Srinivasan,BOE2014_dataset.htm) consulté le 24 août 2019. Les ensembles de données SD-OCT étaient constitués de scans volumétriques acquis auprès de 45 patients : 15 patients normaux, 15 patients atteints de DMLA sèche et 15 patients atteints de DME. Tous les volumes SD-OCT ont été dans des protocoles approuvés par le comité d'examen institutionnel (Institutional Review Board-approved protocols) en utilisant l'imagerie Spectralis SD-OCT (Heidelberg Engineering Inc., Heidelberg, Allemagne) à l'Université Duke, à l'Université Harvard et à l'Université du Michigan. En pratique, 200 images de patients atteints de DMLA et de DME et 100 images de patients normaux présentant des degrés divers de la maladie ont été utilisées.

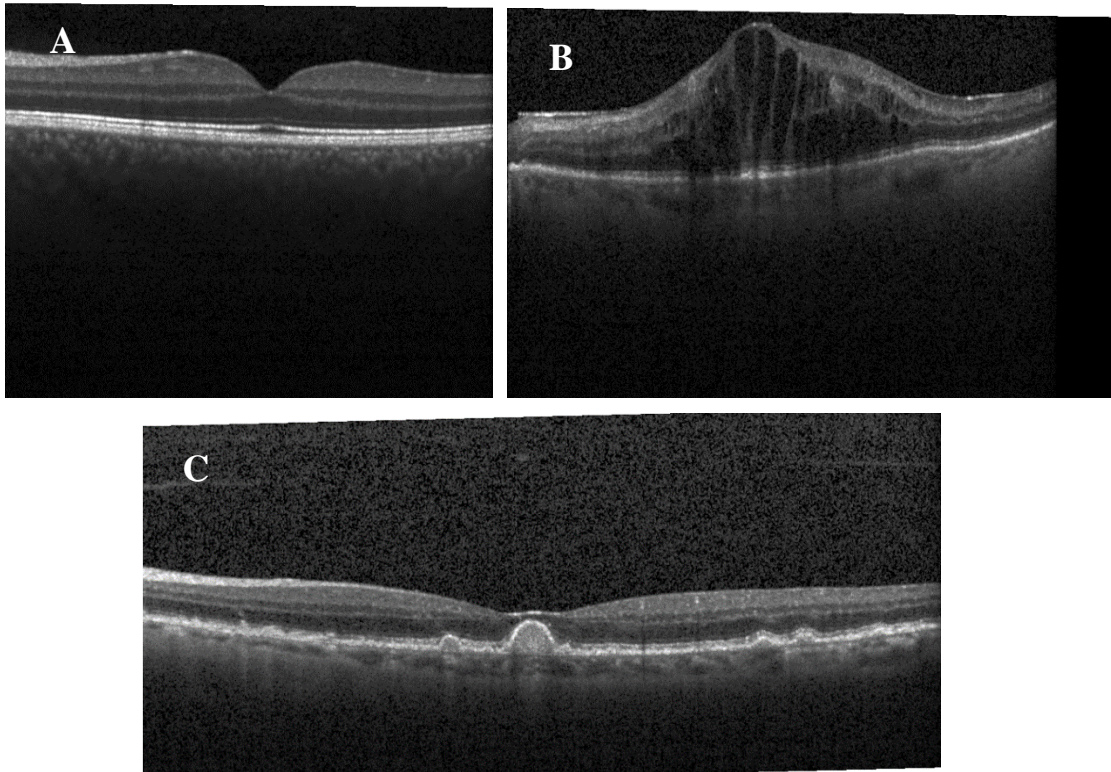


Figure 3.6. Exemples d'images de la base de données Srinivasan BOE\_2014; (A) image originale ; (B) œdème maculaire diabétique ; (C) dégénérescence maculaire liée à l'âge.

### 3.4. Segmentation des couches rétinienne chez des sujets sains

Les analyses morpho-métriques de coupes rétinienne ont été utilisées dans l'examen de plusieurs maladies de la rétine. Par conséquent, disposer de méthodes objectives de segmentation des couches rétinienne peut être d'une grande importance pour évaluer les pathologies rétinienne et l'efficacité des stratégies thérapeutiques.

Chaque système OCT comprend un logiciel de segmentation qui peut être un outil efficace pour quantifier les diverses mesures diagnostiques et fournir des informations cliniquement pertinentes sur la physiopathologie de la rétine. Mais, il est limité uniquement au calcul de la couche de fibres nerveuses et des épaisseurs totales de la rétine. Pour les autres caractéristiques d'intérêt, comme les épaisseurs de la couche fovéale et de la couche des photorécepteurs, elles sont obtenues manuellement. Cette approche manuelle nécessite non seulement des experts formés, mais elle est aussi une tâche fastidieuse et ne peut pas apporter d'informations quantitatives sur les structures intra-rétinienne, en plus d'être influencée par l'utilisateur, ce qui prend beaucoup de temps (surtout lorsqu'elle est mise en œuvre dans des analyses 3D) et peut présenter des variations subjectives entre les différents experts. Ainsi, le défi de la segmentation

des images médicales est la localisation et la délimitation automatisées des régions d'intérêt, ce qui permet de les quantifier pour un diagnostic ultérieur et la localisation des pathologies.

Comme il a été précédemment décrit dans le deuxième chapitre, plusieurs études de recherche ont été proposées pour la segmentation des couches rétinienne afin d'améliorer la décision clinique en basant sur l'analyse automatique des données OCT. Les algorithmes les plus initiaux nécessitent des informations obtenues à partir des données de gradient ou de variation d'intensité, qui sont deux catégories de techniques d'analyse locale. Ainsi, ils échouent lorsque l'information est manquante dans l'image à cause de l'ombre des vaisseaux sanguins ou de la perte du contraste du signal OCT. C'est pourquoi il est nécessaire de trouver d'autres solutions pour surmonter ces problèmes. Récemment, les approches basées sur les graphes se sont avérées être des techniques utiles pour la segmentation d'images SD-OCT, avec des degrés de réussite variables. Pour cela, un algorithme très efficace de segmentation d'images basé sur la théorie des graphes a été appliqué. La description de ce dernier est détaillée en sous-section suivantes.

Cette partie du chapitre est organisé comme suit. Dans un premier temps, nous présenterons brièvement le processus sélectionné pour la segmentation. Ensuite, nous développerons les différentes étapes de ce processus et enfin nous terminons par le protocole de validation de notre méthode.

### **3.4.1. Méthode proposée**

Nous nous intéressons ici à la segmentation des différentes couches rétinienne détectées dans des images OCT. Pour ce faire, une méthode de segmentation basée sur la théorie des graphes a été choisie. La méthode proposée a démontré sa capacité à segmenter les couches internes et externes avec une grande précision autour de la fovéa et cela nous amène à pallier diverses limitations des méthodes conventionnelles qui ne peuvent segmenter qu'un nombre limité de couches rétinienne (environ 2 à 6 couches). De plus, notre approche proposée est simple et nous permet de traiter efficacement les sources d'instabilité précédentes, notamment la fusion des couches au niveau de la fovéa [54] ; [83] et la réflectivité inégale des tissus [40]. En outre, un traitement spécial est inclus pour des problèmes tels que l'hypo-réflectivité des vaisseaux, où les informations structurelles sont perdues en raison de l'ombrage des vaisseaux. Finalement, alors que de nombreuses techniques de segmentation efficaces s'appuient sur des données volumétriques pour segmenter avec précision les structures anatomiques (par exemple [93] ; [94]), notre algorithme est capable de segmenter avec précision les caractéristiques d'intérêt dans les balayages B individuels, ce qui est important lorsque les données volumétriques ne sont pas disponibles.



La figure suivante montre l'organigramme de l'algorithme proposé, qui comprend les principales étapes de la détection et de l'analyse des couches. La description de chaque étape individuelle est discutée dans les sous-sections suivantes.

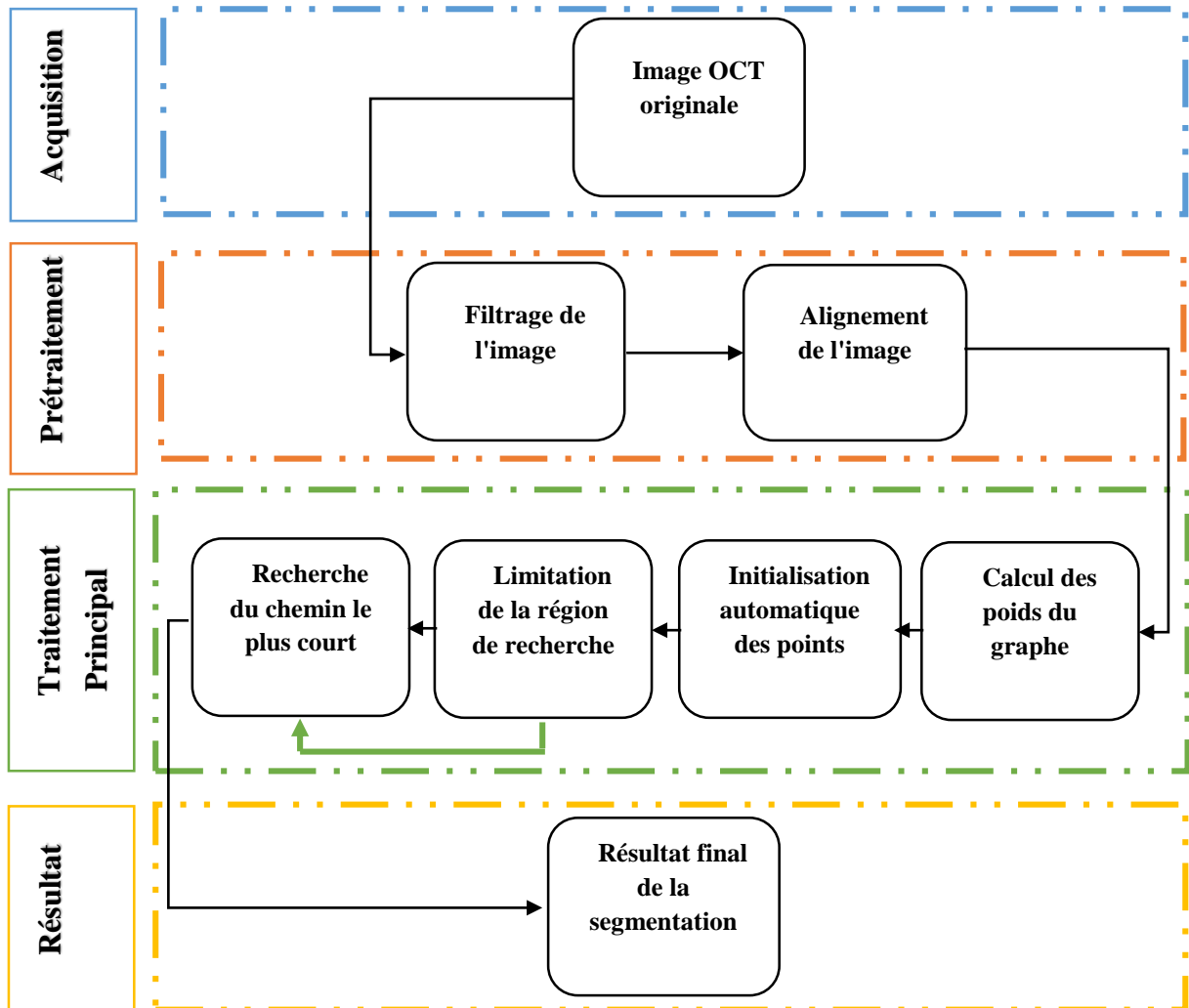


Figure 3.7. Organigramme de segmentation des couches rétinienne chez des sujets sains.

#### 3.4.1.1. Prétraitement

Le prétraitement d'images est le terme désignant les opérations effectuées sur des images au niveau d'abstraction le plus bas. Il s'agit d'une technique d'exploration de données qui consiste à transformer des données d'images brutes en un format compréhensible. Ces données brutes sont souvent incomplètes, incohérentes, et/ou dépourvues de certains comportements ou tendances, et sont susceptibles de contenir de nombreuses erreurs. Le prétraitement des données est une méthode éprouvée pour résoudre ces problèmes. L'objectif principal du prétraitement est d'améliorer la qualité de l'image afin de pouvoir l'analyser de manière plus efficace. Grâce

au prétraitement, nous pouvons supprimer les distorsions indésirables et améliorer certaines caractéristiques nécessaires. Ces caractéristiques peuvent varier selon les applications.

Malheureusement ; malgré les énormes progrès réalisés dans les techniques d'acquisition d'images, les images rétinienne sont toujours sujettes au problème du bruit. L'acquisition d'images OCT est basée sur l'interférométrie à basse cohérence, qui repose intrinsèquement sur la cohérence spatiale et temporelle des ondes optiques rétrodiffusées par l'échantillon observé. Mais cette cohérence est également à l'origine du speckle [95], ce qui limite considérablement la capacité de diagnostic de l'OCT. Le bruit détériore le contraste des images OCT et les informations structurelles détaillées [96], et dépend à la fois de la longueur d'onde du faisceau d'imagerie et des caractéristiques structurelles des tissus [96]. En outre, la mauvaise qualité des images peut affecter la précision de la segmentation des couches rétinienne [97] et les mesures de l'épaisseur des tissus [98]. Pour résoudre ces problèmes, nous proposons d'intégrer deux techniques de base dans l'étape de prétraitement afin que les programmes fonctionnent correctement et donnent le résultat attendu. Comme nous utilisons une méthode de recherche par graphe, la première technique consiste à aligner chaque image de la base de données par rapport à la couche RPE afin d'éliminer les chemins erronés introduits par la courbure ou l'inclinaison naturelle de la rétine. Tandis que la deuxième technique est appliquée pour fournir un filtrage et une atténuation du bruit.

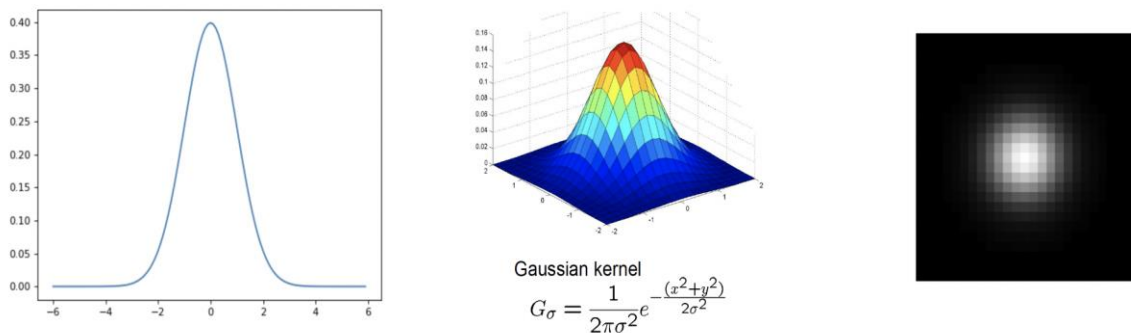
#### **a. Filtrage de l'image**

Le prétraitement est une étape essentielle de l'analyse des images d'OCT en raison du bruit de speckle intrinsèque [96]. La présence du bruit de speckle, parmi d'autres sources de bruit, réduit la qualité de l'image et peut contrarier de façon rédhibitoire certaines techniques d'analyse, telles que l'analyse de la texture [99] ;[100] ;[101] et l'identification des limites [102]. Dans l'ensemble de la littérature, presque toutes les méthodes d'analyse des images d'OCT consistent en une étape de prétraitement pour supprimer le bruit électronique et le bruit de speckle. L'approche la plus courante consiste à appliquer un filtrage gaussien avec une taille aussi faible que possible. Le choix de ce type de filtre est cohérent avec ce que l'on trouve dans la littérature pour des applications présentant le même problème posé [103] ;[104] ;[105]. Prenons l'exemple de l'article de [106] où les auteurs ont examiné cinq techniques de prétraitement pour réduire le bruit de speckle, à savoir le filtrage moyen et médian, le filtrage gaussien, le filtrage anisotrope non linéaire et le filtrage passe-bas. Ils ont confirmé que si toutes les méthodes de prétraitement testées améliorent la segmentation, le filtrage gaussien est le plus efficace, avec une amélioration de  $32\% \pm 1,2\%$ .

Mathématiquement, appliquer un filtre gaussien à une image revient à convoluer l'image avec une fonction gaussienne. Il est considéré comme un opérateur de lissage et effectue une moyenne pondérée des pixels environnants sur la base de la distribution gaussienne. L'opérateur gaussien génère une matrice de valeurs  $G(x, y)$  qui sont appliquées à des groupes de pixels dans l'image. Ces valeurs matricielles peuvent être définies par l'équation gaussienne 2D suivante :

$$G(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}} \quad (3.1)$$

Où  $x$  est la distance par rapport à l'origine sur l'axe horizontal,  $y$  est la distance par rapport à l'origine sur l'axe vertical, et  $\sigma$  est l'écart type de la distribution gaussienne. Lorsqu'elle est appliquée en deux dimensions, cette formule produit une surface dont les contours sont des cercles concentriques avec une distribution gaussienne à partir du point central.



**Figure 3.8. Illustration d'une gaussienne.** À gauche : distribution gaussienne 1D. Au milieu : Forme générale d'une gaussienne 2D à moyenne nulle. À droite : représentation du filtre gaussien en niveaux de gris (blanc = valeur élevée, noir = valeur faible),

Les valeurs de cette distribution sont utilisées pour construire une matrice de convolution qui est appliquée à l'image originale. La nouvelle valeur de chaque pixel est définie comme une moyenne pondérée du voisinage de ce pixel. La valeur du pixel d'origine reçoit la pondération la plus forte (ayant la valeur gaussienne la plus élevée) et les pixels voisins reçoivent des pondérations plus faibles à mesure que leur distance au pixel d'origine augmente. Il en résulte un flou qui préserve mieux les limites et les bords que d'autres filtres de flou plus uniformes. Cela permet donc d'obtenir le meilleur des deux mondes - suppression du bruit et préservation des contours, ce qui est primordial dans notre cas afin d'assurer la détection des différentes couches. L'image filtrée est représentée dans la figure suivante :

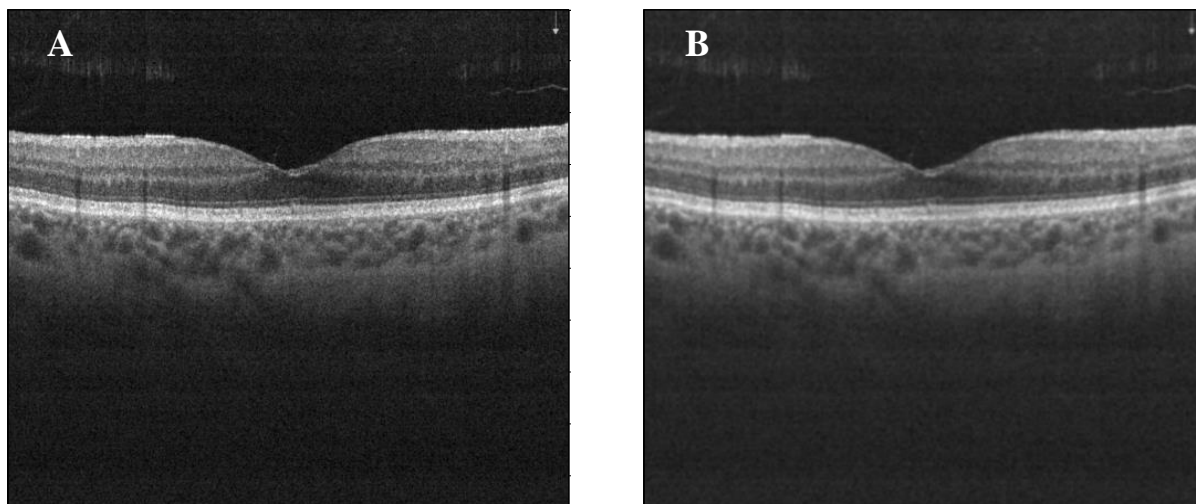
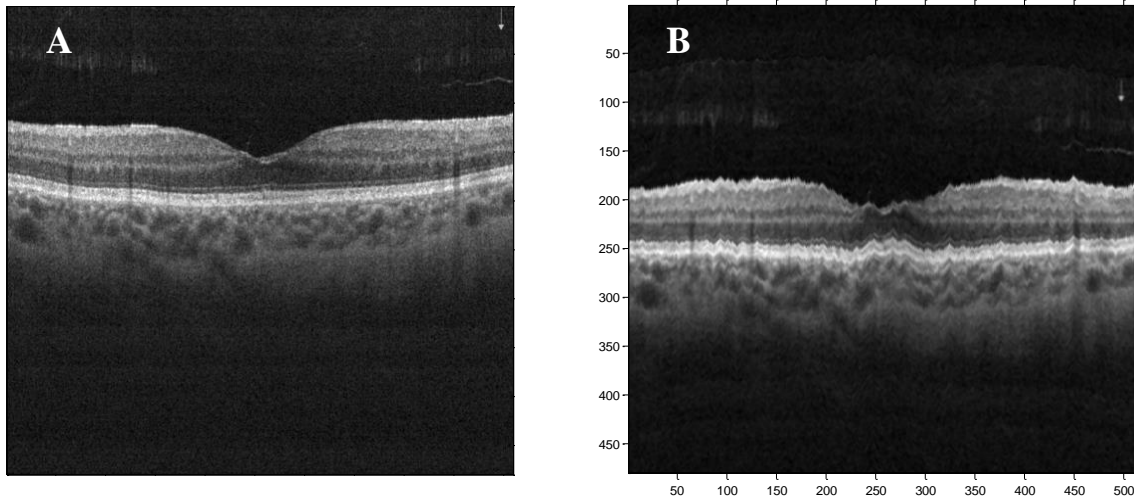


Figure 3.9. Filtrage des images OCT. (A) : l'image originale ; (B) : Image filtrée par un filtre gaussien.

#### b. Alignement de l'image

Comme mentionné précédemment, la segmentation des couches réiniennes dans les images OCT est effectuée sur la base de méthodes graphiques. Un graphe est segmenté en calculant le chemin minimum pondéré d'un nœud de départ à un nœud d'arrivée. La tendance à trouver le chemin géométrique le plus court est inhérente à cette méthode, puisque le nombre de nœuds traversés est inférieur au poids total. Par conséquent, les caractéristiques présentant une forte courbure ou d'autres irrégularités, même avec des gradients relativement forts, sont désavantagées puisque leurs chemins ne reflètent pas la distance géométrique la plus courte. Comme alternative à l'approche de la coupe normalisée [107], une solution naturelle à ce dilemme est de transformer l'image de sorte que le chemin souhaité soit plus court. Pour tenir compte de la courbure naturelle de la rétine observée dans les images SDOCT, nous alignons l'image pour éviter les chemins courts inexacts à travers les couches pendant la segmentation. La **Figure 3.10. A** montre l'alignement de la rétine, la **Figure 3.10. B** étant la version alignée de l'image originale, la **Figure 3.10. A**.



**Figure 3.10. Alignement de l'image. (A) L'image rétinienne SDOCT originale. (B) L'image alignée.**

Nous avons construit l'image aligné sur la base d'une estimation pilote de la couche RPE. Notre estimation pilote est basée sur la connaissance préalable que la couche RPE est l'une des couches les plus hyper-réfléchissantes dans une image SD-OCT rétinienne. Ainsi, après avoir débruitage de l'image SD-OCT, nous attribuons provisoirement le pixel le plus intense de chaque colonne comme une estimation de l'RPE. Nous localisons les pixels aberrants, souvent associés à la RNFL, en recherchant les discontinuités de plus de 50 pixels dans l'estimation de RPE. Ces pixels aberrants sont supprimés de l'estimation de l'RPE, ainsi que les pixels situés dans les colonnes qui présentent un rapport signal/bruit nettement inférieur. Nous ajustons un polynôme du second ordre aux points RPE valides restants et déplaçons chaque colonne vers le haut ou vers le bas de sorte que les points RPE se trouvent sur une ligne plate.

#### **3.4.1.2. Traitement principal**

Cette section décrit en détail le traitement principal de la segmentation des couches rétinienne, qui comprend les étapes de base de la représentation du graphe et du calcul des poids, puis le graphe reconstruit est utilisé pour initialiser automatiquement les points d'extrémité afin de trouver le chemin le plus court du nœud de départ au nœud d'arrivée en limitant la région de recherche au fur et à mesure.

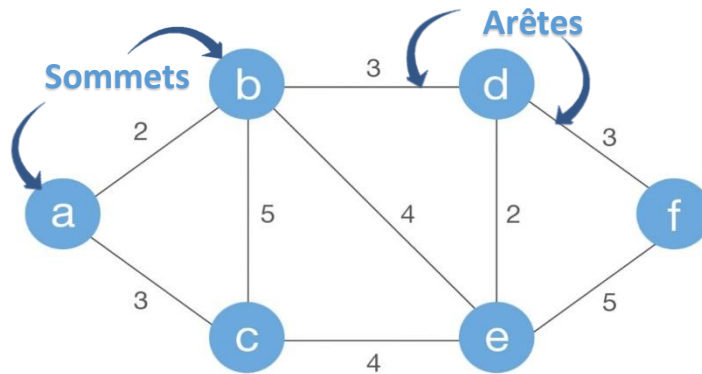
##### **a. Représentation du graphe**

Un graphe est défini comme une structure de données comportant un ensemble fini de nœuds, également appelés sommets et arêtes. Ils sont représentés comme une paire ordonnée sous la forme :

$$G = (V, E) \quad (3.2)$$

Où :  $V(u, v)$  est un ensemble de sommets.  $E(u, v)$  est un ensemble d'arêtes.

La paire dans  $V$  nous indique qu'il y a deux sommets et la paire dans  $E$  nous indique qu'il y a une arête entre les nœuds  $(u, v)$  du graphe. Les arêtes peuvent également avoir le coût du déplacement du sommet  $u$ , vers  $v$  comme montre la **Figure 3.11** suivante. Les graphes sont utilisés pour représenter symboliquement de nombreux problèmes de la vie réelle et nous aident à visualiser la solution du problème en concevant l'algorithme approprié. Ils sont connus pour être des structures mathématiques. Ils sont censés représenter les relations par paires entre les objets. Un graphique montre le flux des structures entre les entités.



**Figure 3.11. Exemple de représentation du graphe pondérée non dirigée d'une image**

Par conséquent, nous représentons chaque image comme un graphe de nœuds, où chaque nœud correspond à un pixel. Les liens qui relient les nœuds sont des arêtes. Un ensemble d'arêtes connectées forme un chemin permettant de se déplacer dans le graphe. Des poids peuvent être attribués aux arêtes individuelles pour créer des préférences de chemin. Pour parcourir le graphe d'un nœud de départ à un nœud d'arrivée, le chemin préféré est celui pour lequel la somme totale des poids est minimale. Ce chemin résultant est la coupe qui sépare une région d'une autre. Pour notre problème, les frontières entre les couches rétiniennes correspondent aux chemins préférés (coupes) sur un B-scan SDOCT.

### b. Calcul des poids du graphe

Pour découper un graphique avec précision, il est essentiel d'attribuer les poids appropriés aux bords. Les métriques courantes pour faire varier les valeurs de pondération comprennent les fonctions des distances entre les pixels ou les différences entre les valeurs d'intensité [107].

Étant donné la résolution relativement élevée d'un balayage rétinien SDOCT, la plupart des caractéristiques d'intérêt ont une transition lisse et régulière entre les pixels voisins. Par conséquent, chaque nœud n'est associé qu'à ses huit voisins les plus proches, ce qui nous évite d'incorporer des poids de distance géométrique. Toutes les autres paires de nœuds sont déconnectées, ce qui donne une matrice d'adjacence peu dense (*sparse adjacency matrix*) de poids de graphe de différence d'intensité. Par exemple, une image de taille  $[M \times N]$  a une matrice d'adjacence de taille  $[MN \times MN]$  avec  $MNC$  entrées remplies, où  $C$  (ici huit) est le nombre de voisins les plus proches. Nous définissons ensuite notre graphe comme étant non orienté, ce qui réduit de moitié la taille de la matrice d'adjacence.

Dans les images SD-OCT, les couches rétinienne sont principalement des structures horizontales qui se distinguent par un changement d'intensité des pixels dans la direction verticale. Les pondérations peuvent donc être calculées uniquement sur la base des gradients d'intensité verticaux, comme suit [108] :

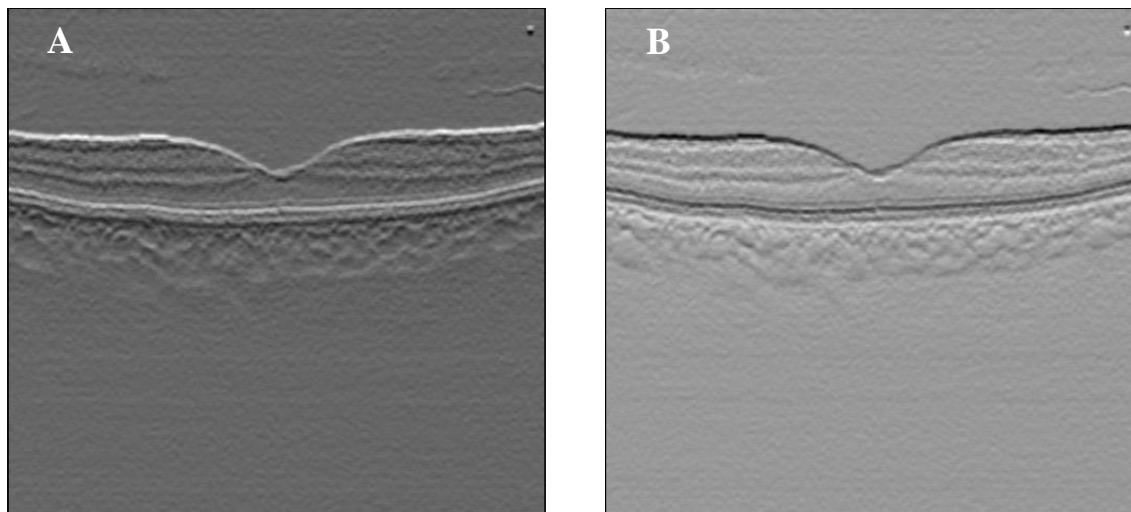
$$W_{uv} = 2 - (g_u + g_v) + W_{min} \quad (3.3)$$

- $W_{uv}$  est le poids attribué à l'arête reliant les nœuds  $u$  et  $v$ ,
- $g_u$  est le gradient vertical de l'image au nœud  $u$ ,
- $g_v$  est le gradient vertical de l'image au nœud  $v$ ,
- $W_{min}$  est un nombre positif faible (poids minimum du graphe égal à  $10^{-5}$ ) qui a été ajouté pour stabiliser le système.

L'équation (3.3) attribue des valeurs de poids faibles aux paires de nœuds présentant des gradients verticaux importants. Dans notre implémentation,  $g_u$  et  $g_v$  sont normalisés à des valeurs comprises entre 0 et 1, et  $W_{min} = 1 \times 10^{-5}$ . Ces poids sont encore ajustés pour tenir compte de la direction du gradient.

Notre implémentation de la segmentation des couches rétinienne dans les images SD-OCT produit deux matrices d'adjacence non dirigées sensibles aux transitions d'intensité entre l'ombre et la lumière ou entre la lumière et l'ombre. Pour les limites de couches présentant une couche plus foncée au-dessus d'une couche plus claire, comme les limites vitréo-NFL, INL-OPL, IS-OS et OS-RPE, nous utilisons la matrice d'adjacence sombre à claire. En revanche, pour les limites NFL-GCL, IPL-INL, OPL-PRNL et RPE-choroïde, qui présentent une couche plus claire au-dessus d'une couche plus sombre, nous utilisons la matrice d'adjacence clair-foncé.

La **Figure 3.12.** montre deux images de gradient complémentaires utilisées pour calculer les poids des bords. La **Figure 3.12.A** est l'image de gradient de sombre à clair utilisée pour générer les poids pour la segmentation de la limite entre une couche plus sombre au-dessus d'une couche plus claire, et la **Figure 3.12.B** est l'image de gradient de clair à sombre pour les limites séparant une couche plus claire au-dessus d'une couche plus sombre.



**Figure 3.12. Images de gradient utilisées pour calculer les poids du graphique de la Figure 3.10.**  
B. (A) Image foncée à claire pour la segmentation d'une couche foncée au-dessus d'une couche claire.  
(B) Image de clair à foncé pour la segmentation d'une couche plus claire au-dessus d'une couche plus sombre.

### c. Initialisation automatique des points d'extrémité du graphe

Étant donné que l'image OCT contient plusieurs structures en couches horizontales et parallèles, le graphe se compose généralement de tous les nœuds de ces couches. Par conséquent, pour déterminer une de ces couches, il est nécessaire de définir ses points d'extrémité. Dans cette section, nous proposons une méthode d'initialisation automatique qui permet d'éviter la sélection manuelle des points d'extrémité.

Notre algorithme d'initialisation est basé sur l'hypothèse que la couche à segmenter s'étend sur toute la largeur de l'image. Comme chaque couche segmentée correspond aux chemins pondérés minimums, une colonne supplémentaire de nœuds est ajoutée à des deux côtés de l'image avec des valeurs d'intensité arbitraires et des poids minimums  $W_{min}$  attribués aux bords dans la direction verticale. Notez que  $W_{min}$  est significativement plus petit que tout poids non nul dans la matrice d'adjacence du graphe original. Ce faisant, les nœuds des colonnes nouvellement ajoutées conservent leur connectivité, et la coupe est capable de traverser la direction verticale



de ces colonnes avec une résistance minimale. Cela permet d'assigner arbitrairement les nœuds de début et de fin dans les colonnes nouvellement ajoutées, car la coupe se déplacera librement le long de ces colonnes avant de se déplacer dans l'image selon le chemin à pondération minimale. Une fois l'image segmentée, les deux colonnes supplémentaires peuvent être supprimées, ce qui permet d'obtenir une coupe précise sans erreur d'initialisation du point d'extrémités.

La **Figure 3.13.** est un exemple d'image segmentée à l'aide de la technique d'initialisation automatique. Deux colonnes verticales sont ajoutées de chaque côté de l'image avec des valeurs arbitraires (ici, l'intensité maximale) et des poids de bord verticaux minimaux. De plus, les points de départ et d'arrivée sont initialisés au coin supérieur gauche et inférieur droit.

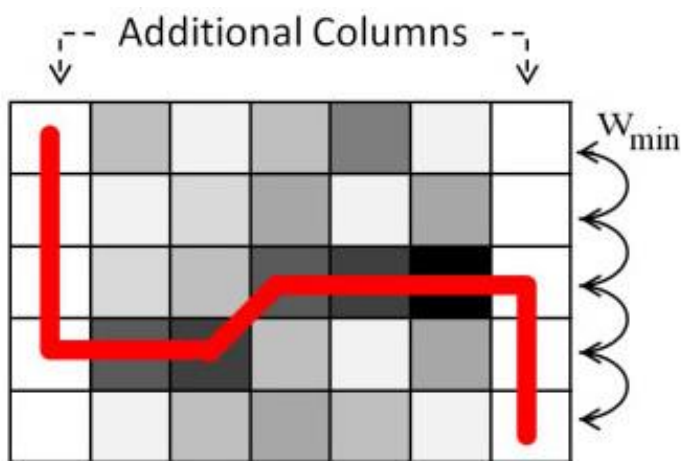


Figure 3.13. Un exemple de segmentation utilisant l'initialisation automatique des points d'extrémité.

#### d. Limitation de la région de recherche

Souvent, les régions rétinienne à segmenter montrent des caractéristiques similaires en raison de la variation convergente de leurs intensités (par exemple, les régions IPL et OPL de la rétine). Pour éviter que l'algorithme ne segmente accidentellement ces structures à la place de l'élément cible, il est utile de limiter le graphe à un espace de recherche valide qui exclut toute structure étrangère. En termes de théorie des graphes, cela signifie que les poids des arêtes dans ces régions invalides doivent être supprimés avant de couper le graphe. Par exemple, si la région INL est déjà segmentée avec précision, nous pouvons déclarer invalides tous les nœuds appartenant à la région INL ou aux régions situées au-dessus, lors de la recherche de la frontière OPL.

#### e. Recherche du chemin le plus court

Une fois que les poids appropriés ont été attribués aux bords, des techniques efficaces en termes de calcul, telles que l'algorithme de Dijkstra [109], peuvent être utilisées pour déterminer le chemin le plus faiblement pondéré d'un graphe entre des points d'extrémité arbitraires. La figure 3 montre des exemples de pondération pour trois nœuds connectés. Pour trouver le chemin le minimum pondéré à l'aide de l'algorithme de Dijkstra, les valeurs de poids doivent être positives et comprises entre 0 et 1, où un poids d'arête de zéro indique une paire de nœuds non connectés. Ce tableau des poids du graphe est défini comme la matrice d'adjacence d'un graphe, où un axe représente le nœud de départ et l'autre axe indique le nœud d'arrivée. Cet exemple illustre la préférence du nœud 1 pour le nœud 3 en raison de sa valeur de poids inférieure à celle du nœud 2.

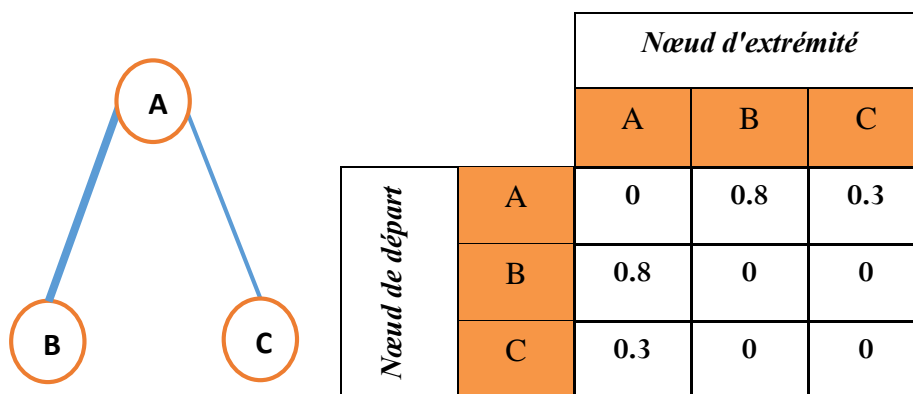


Figure 3.14. Exemple de pondérations de graphe (matrice d'adjacence) pour trois nœuds connectés.

#### f. Itération d'algorithme

Une fois la première limite de couche segmentée sur l'image, le processus peut être répété de manière récursive en limitant l'espace de recherche sur la base de la coupe précédente pour segmenter une nouvelle limite de couche. Il en résulte une méthode itérative dans laquelle les limites des couches rétinienne sont segmentées par ordre de prééminence. Notez que notre algorithme est conçu de telle sorte que les rares cas de segmentation inexacte d'une couche n'affectent pas nécessairement la segmentation exacte des couches suivantes.

#### 3.4.1.3. Résultat final

Après la mise en œuvre des principales étapes de la méthode de segmentation, nous pouvons facilement constater que cette méthode est très efficace et permet de définir automatiquement huit limites de couches rétinienne, comme le montre la **Figure 3.15**.

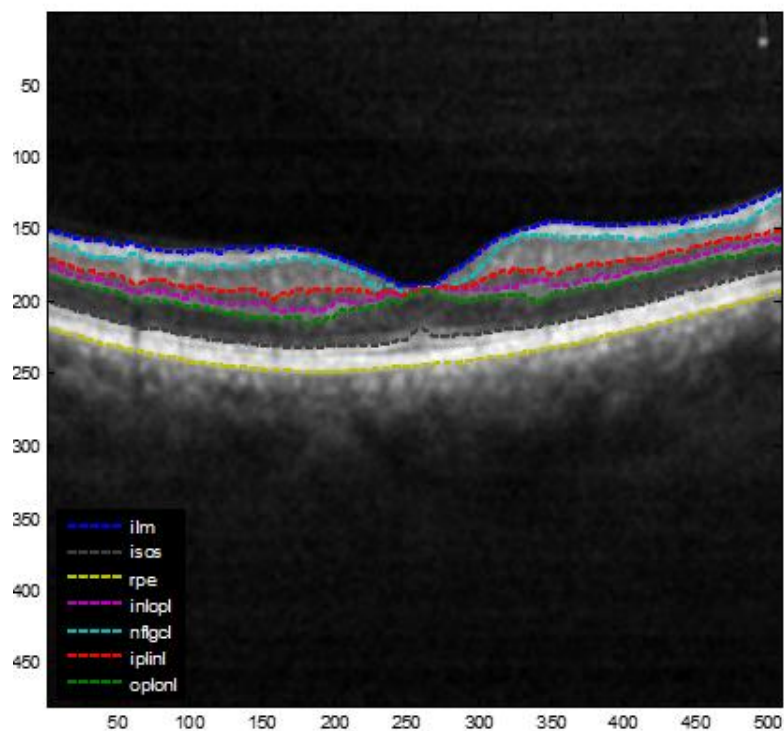
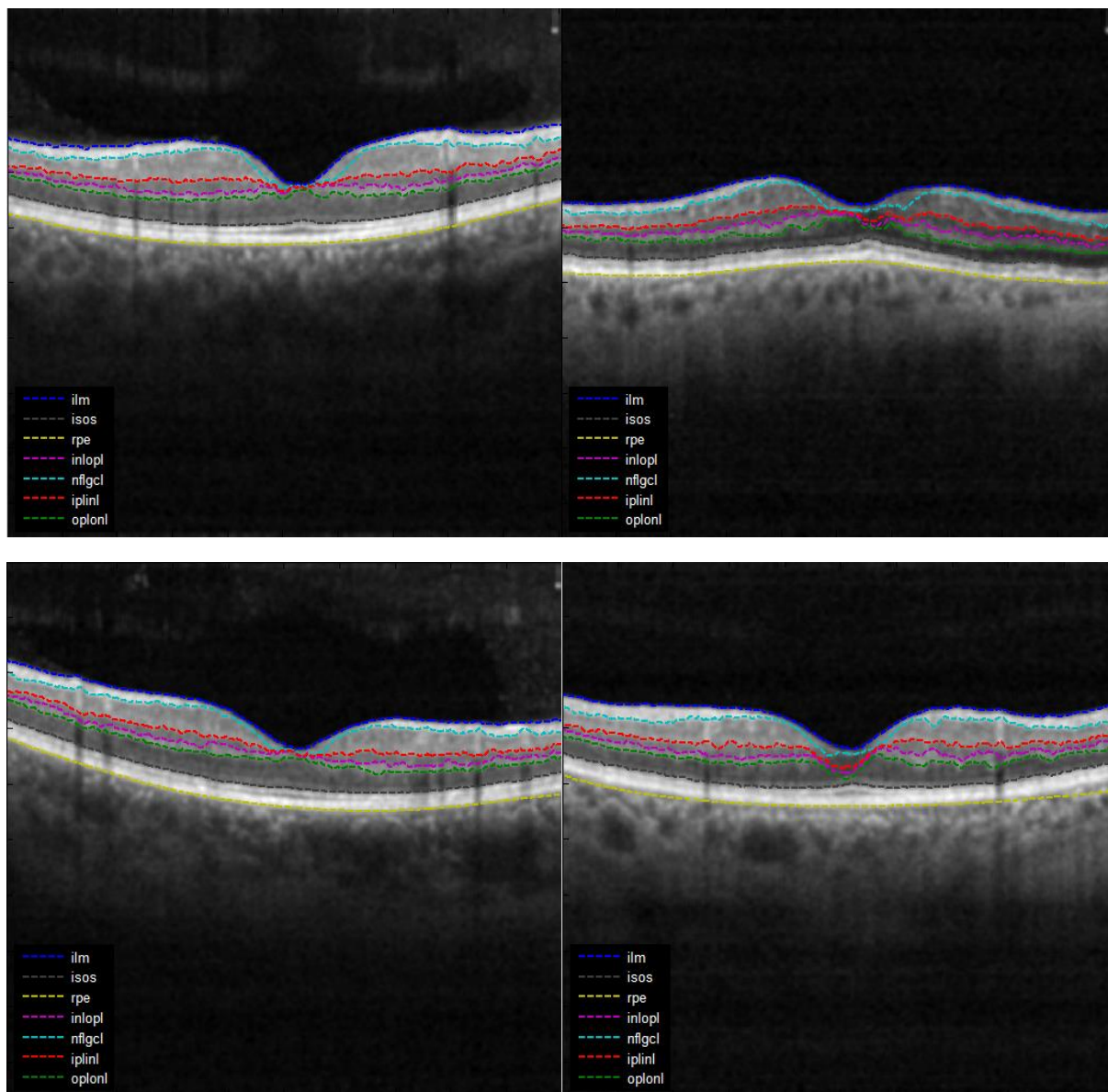


Figure 3.15. Résultat final de la segmentation des couches rétinienne par la méthode proposée.

### 3.4.2. Résultats et discussions

Nous détaillons dans cette partie les résultats que nous avons obtenus expérimentalement, ainsi que le protocole de validation de ces résultats. Celui-ci consiste en une comparaison des segmentations réalisées automatiquement par la méthode proposée et manuellement par un expert en étudiant quantitativement la variabilité rétinienne. Toutes ces mesures sont analysées afin d'évaluer la précision de notre système.

La base de données collectée en clinique LAZOUNI a été utilisé pour tester notre algorithme proposé. Quatre exemples de résultats de segmentation des couches rétinienne chez les sujets sains sont présentés respectivement dans la **Figure 3.16**.



**Figure 3.16. Exemples de résultats de segmentation des couches rétinienne chez des sujets sains**

### 3.4.2.1. Validation des mesures d'épaisseurs rétinienne

Les résultats de la segmentation ont permis d'effectuer des mesures de l'épaisseur de la rétine. Ces mesures fournissent des informations importantes pour un diagnostic fiable des maladies de la rétine, l'évaluation du développement d'une maladie et des réponses efficaces au traitement médical.

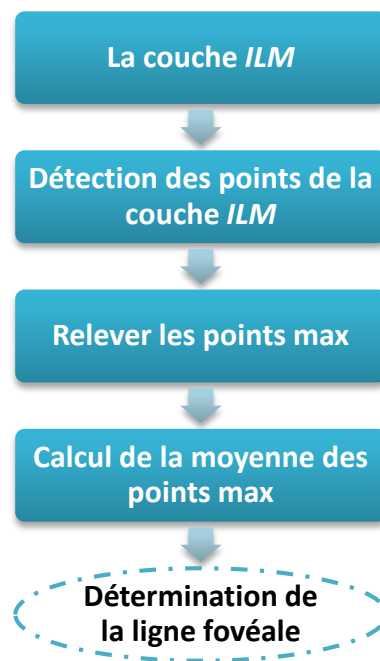
Dans cette section, nous allons détailler les résultats du calcul de l'épaisseur des couches rétinienne. Il est bien connu que l'épaisseur de la rétine varie selon trois régions distinctes : au niveau de la fovéola, au niveau du clivus et vers la périphérie. La fovéola est une très petite zone de 0,3 mm de diamètre située au centre de la fovéa. C'est précisément sur cette zone que

l'image d'un point observé se projette. Tandis que le clivus est connu comme la paroi incurvée de la dépression de la fovéa, qui s'incline progressivement vers le fond de la fovéola. Notre mesure consiste donc d'une part à calculer l'épaisseur de chaque couche par rapport à la fovéola dite : « distance fovéale », et d'autre part par rapport à chacun des clivus dites : « distance au clivus gauche » et « distance au clivus droit ».

Dans les sous-sections suivantes, nous allons décrire les différents algorithmes appliqués pour déterminer chacune des lignes de la fovéola et du clivus.

#### a. Détermination de la ligne fovéale

La ligne fovéale est obtenue par la détection de l'abscisse maximale de l'interface ILM. Le processus de détection de la ligne fovéale consiste à détecter les points max de l'ILM et la moyenne de ces points donne le centre de l'ILM qui est lui-même la fovéola, comme le montre le diagramme suivant :



**Figure 3.17. Processus de localisation de fovéola.**

Finalement, le pixel  $(X_F, Y_F)$  de l'interface ILM donne une première estimation de la position de la fovéola **Figure 3.18**.

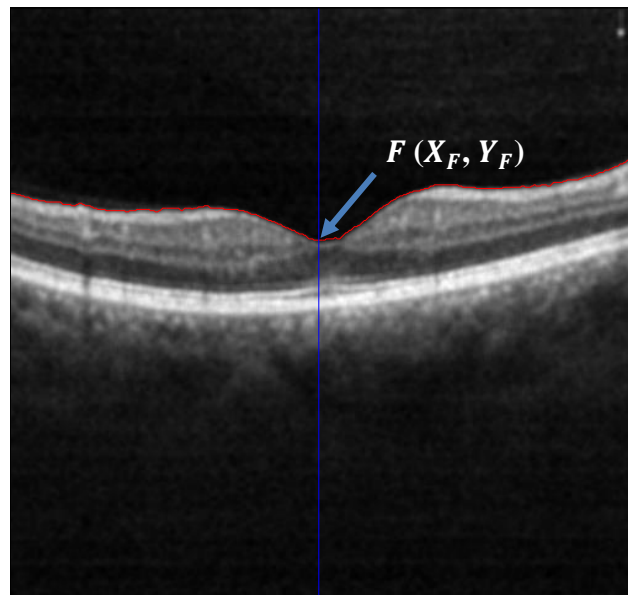


Figure 3.18. Localisation de la fovéola.

b. Alignement de l'image OCT et détermination du clivus

Pour déterminer le clivus, nous avons besoin d'aligner l'image prétraitée, en appliquant une translation verticale des colonnes de l'image par rapport au bord externe de la couche RPE (Figure 3.19).

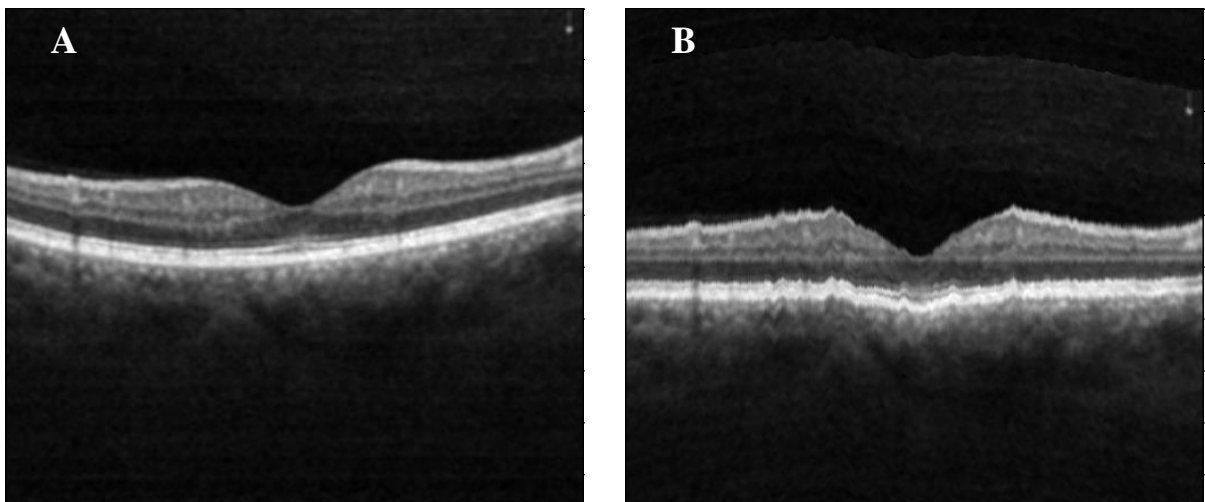


Figure 3.19. Processus de localisation de fovéola.

Pour déterminer le clivus, nous avons appliqué l'algorithme suivant :

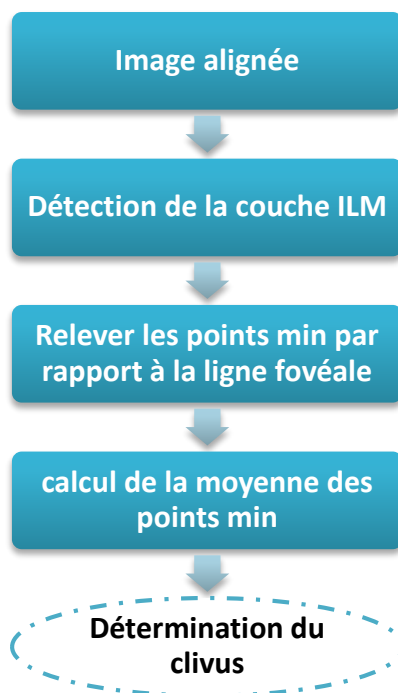


Figure 3.20. Processus de localisation de clivus.

Finalement, le clivus est défini par les deux points les plus hauts de l'ILM de part et d'autre de la fovéola, notés  $(X_{cg}, Y_{cg})$  et  $(X_{cd}, Y_{cd})$ . (Figure 3.21).

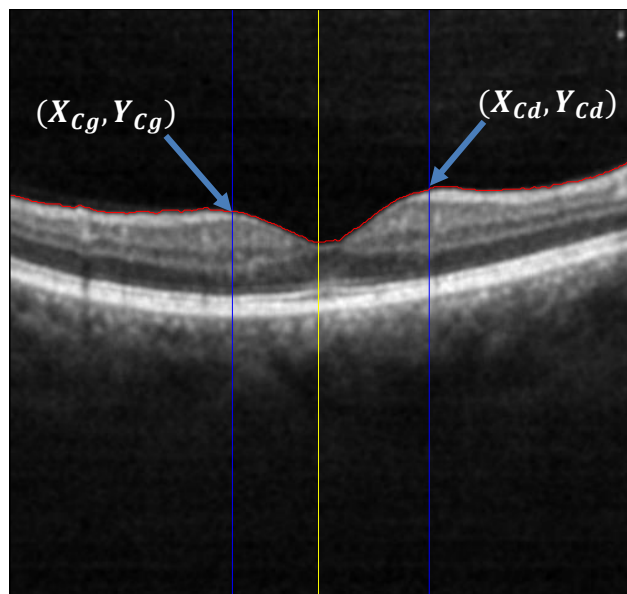
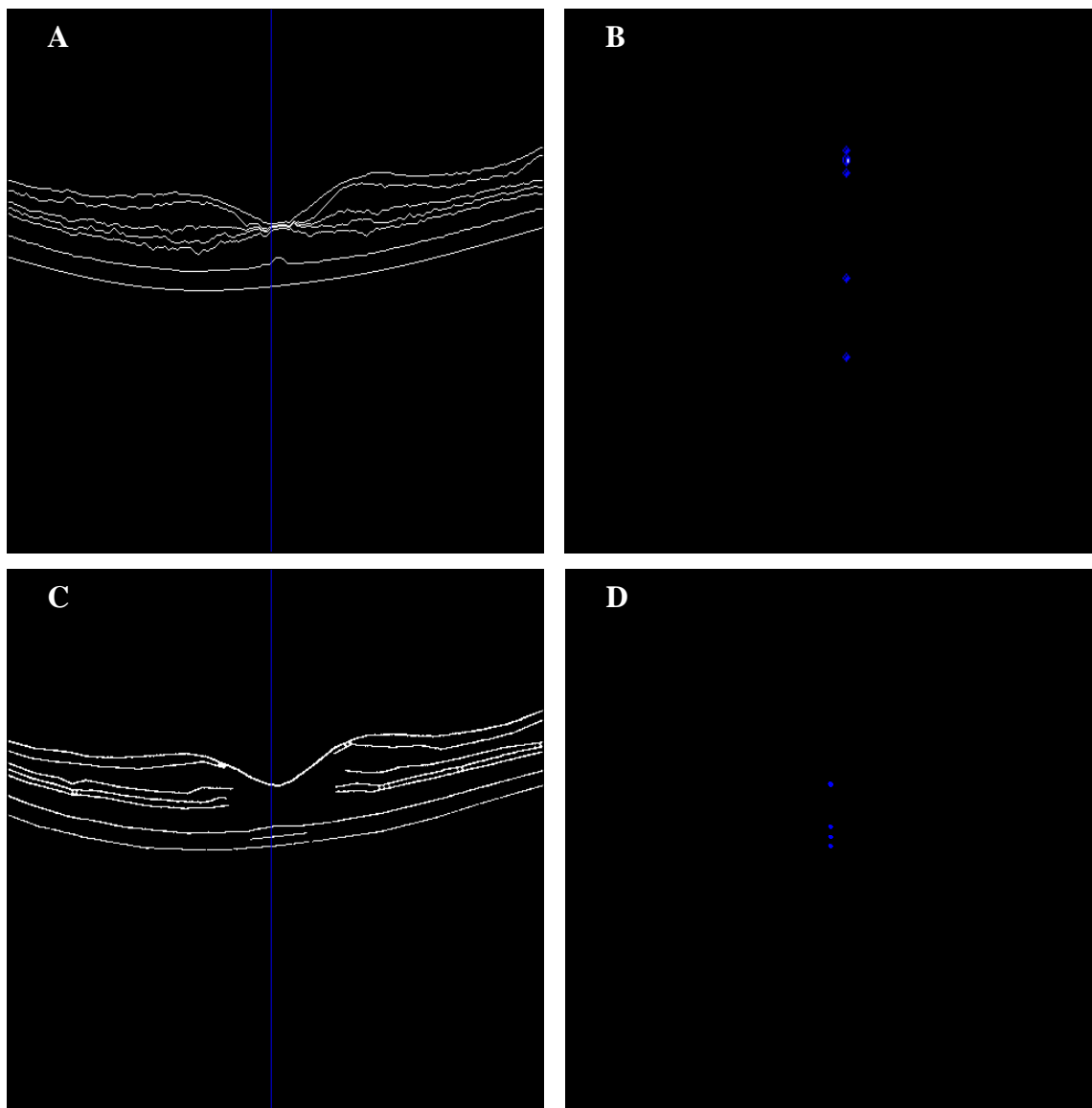


Figure 3.21. Alignement et détermination du clivus.

### c. Calcul des distances à la fovéola et au clivus

Les distances fovéales sont calculées en détectant les points communs entre la ligne passant par la fovéola et les différentes couches segmentées. Cette procédure est effectuée pour les deux

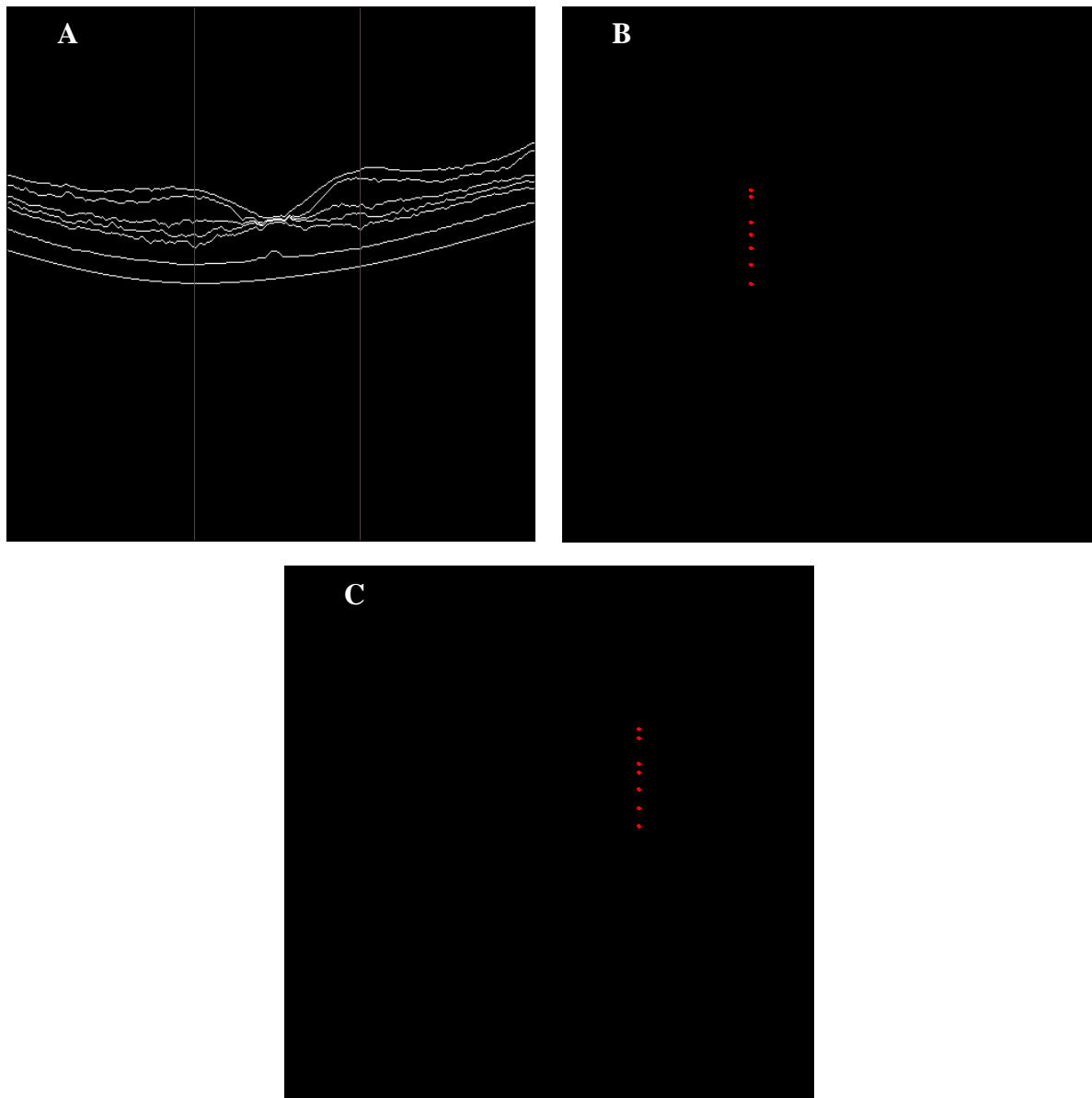
types de segmentation en particulier, la segmentation automatique de notre algorithme proposé et celle obtenue manuellement comme le montrent la figure suivante **Figure 3.22**.



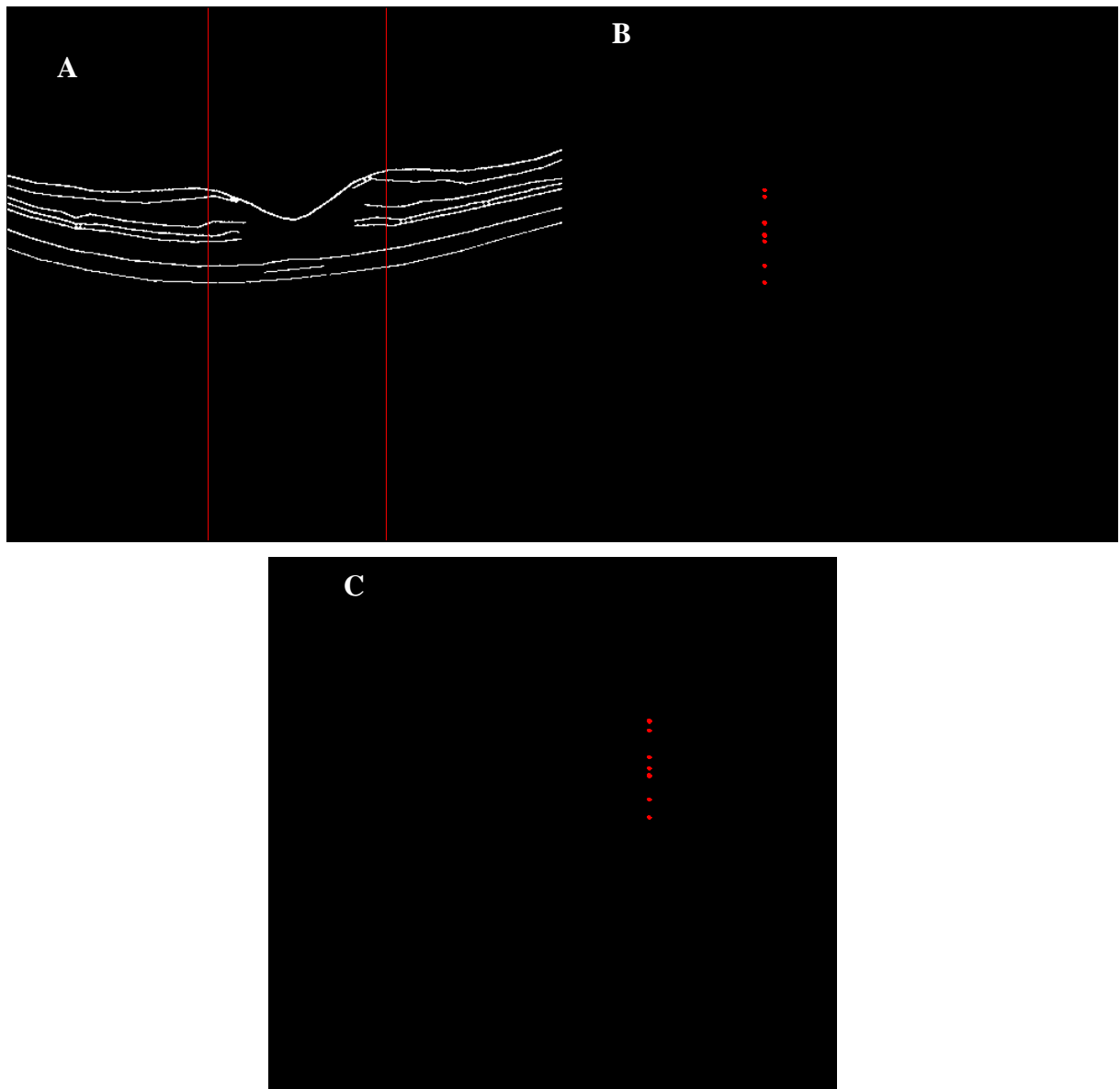
**Figure 3.22.** Calcul de la distance fovéale. (A) ; (B) détection des points communs entre la ligne fovéale et les différentes couches segmentées automatiquement ; (C) ; (D) détection des points communs entre la ligne fovéale et les différentes couches segmentées manuellement.

De même que pour les distances aux clivus, nous avons détecté les points communs entre ces derniers et les différentes couches extraites automatiquement et manuellement respectivement comme la montre les figures suivantes **Figure 3.23** et **Figure 3.24**.





**Figure 3.23.** Calcul des distances au clivus. (A) Détection des points communs entre les clivus et les différentes couches segmentées automatiquement ; (B) Distances au clivus gauche ; (C) Distances au clivus droite.



**Figure 3.24.** Calcul des distances au clivus. (A) Détection des points communs entre les clivus et les différentes couches segmentées manuellement ; (B) Distances au clivus gauche ; (C) Distances au clivus droite.

Ces mesures sont calculées à partir de l'équation suivante :

$$D_i = X(i) - X(i - 1) \quad (3.4)$$

Avec :

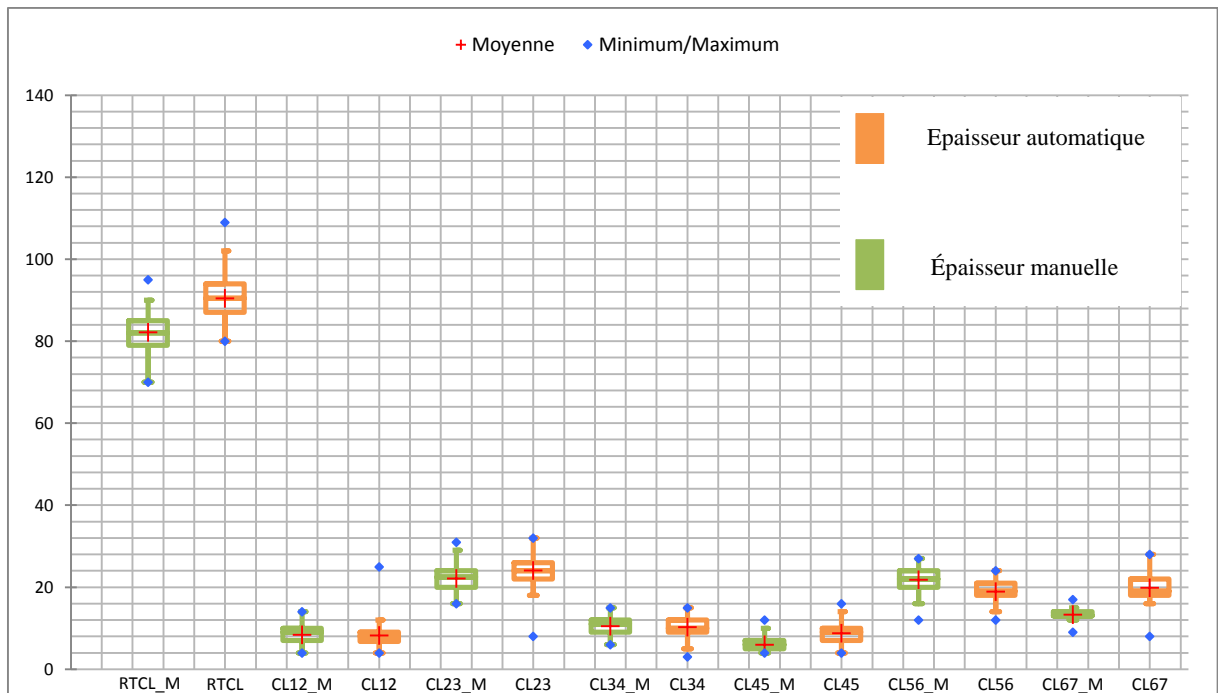
$D_i$  : La  $i^{\text{ème}}$  distance.

$X(i)$  : L'abscisse de la  $i^{\text{ème}}$  couche.

Les mesures d'épaisseur déduites des segmentations manuelles et automatiques sont représentées dans le tableau suivant.

<i>Les couches rétinienne</i>	Epaisseur au clivus gauche	Epaisseur au clivus droite
RNFL	CL12	CR12
GCL-IPL	CL23	CR23
INL	CL34	CR34
OPL	CL45	CR45
ONL-IS	CL56	CR56
IS-RPE	CL67	CR67
Épaisseur totale de la rétine	RTCL	RTCR

Un protocole de validation des mesures des épaisseurs est ensuite appliqué, afin d'évaluer la précision de notre système. Cela consiste à comparer les épaisseurs obtenues à partir des couches segmentées automatiquement par l'algorithme proposé, et celle obtenues par la segmentation manuelle effectuée par l'expert qui est choisie comme référence comme le révèlent les graphiques suivants (Figure 3.24).



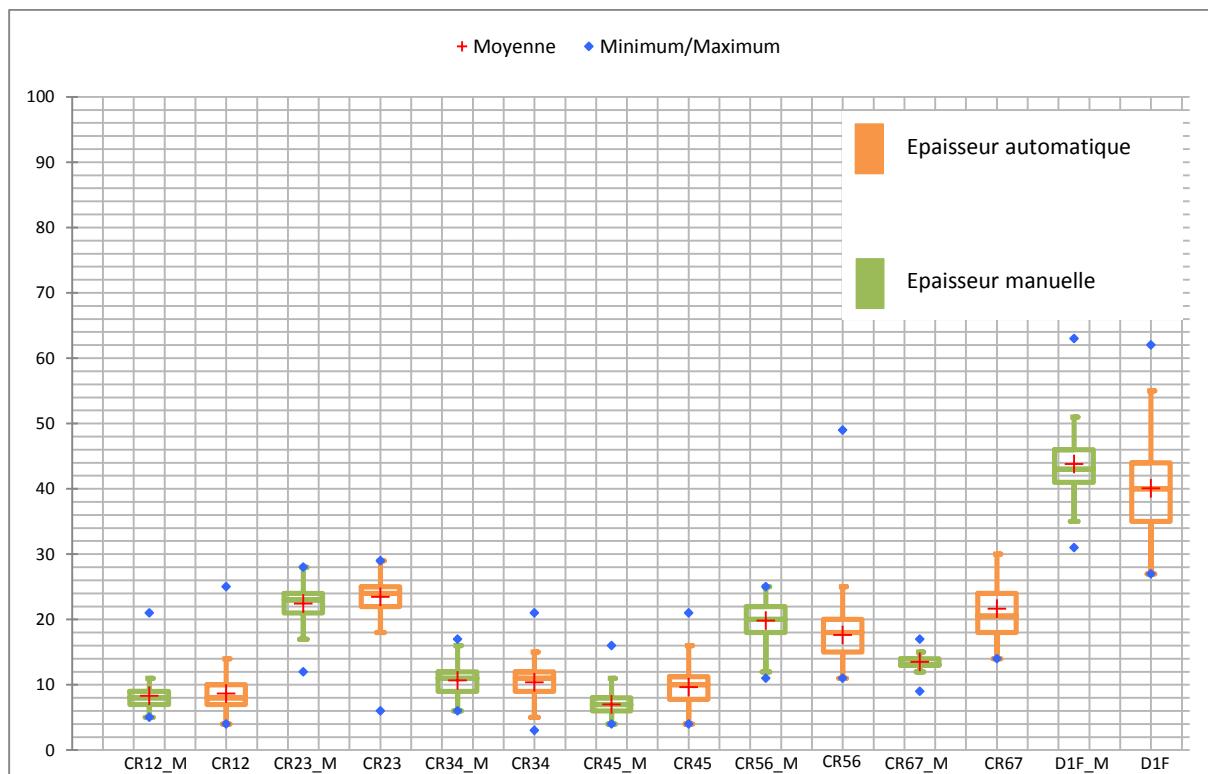


Figure 3.25. Intervalles des mesures déduites des segmentations automatiques et manuelles. En haut les épaisseurs au clivus gauche ; en bas les épaisseurs au clivus droite.

La figure 3.21 indique que les mesures d'épaisseur déduites de la segmentation manuelle (en vert) et de la segmentation automatique de la base des images entières (en rouge). Nous avons représenté pour chaque mesure l'intervalle des (valeurs entre min et max en « point bleu ») et leur moyenne (+).

A partir de ces graphiques, on remarque un très bon accord entre les mesures effectuées manuellement par un expert et celles obtenues par les méthodes que nous avons utilisées. Les profils d'épaisseur dérivés par l'algorithme automatisé étaient similaires aux profils calculés à partir de la détection manuelle des limites. En moyenne, la différence entre la segmentation automatisée et la segmentation manuelle était inférieur à 5 pixels, ce qui représente une très légère différence, et dans certain cas nous avons abouti à une différence de 0 pixel ce qui signifie un accord total entre les deux types de segmentation. Par conséquent, on peut dire que notre approche proposée a réussi à extraire les couches rétinienne à partir des images OCT de la rétine avec une précision suffisante pour la pratique clinique.

### 3.5. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé une méthode permettant la segmentation des différentes interfaces que nous pouvons détecter à partir d'une image OCT. L'application des approches de

graphe et programmation dynamique nous permis de surmonter plusieurs limites rencontrées dans l'état de l'art notamment : la fusion des couches au niveau de la fovéa, la réflectivité inégale des tissus et l'hypo-réflectivité des vaisseaux. Ainsi, huit couches rétinienne peuvent être détectées avec une bonne précision autour de la fovéola. L'objectif de cette segmentation est de pouvoir fournir aux médecins des données et des mesures qui les aident dans l'étude de la variation de la morphologie des couches fovéales et périfovéales au sein d'une population de sujets sains.

Une évaluation quantitative a été réalisée en comparant les résultats obtenus par la segmentation automatique avec ceux obtenus par la segmentation manuelle. Elle a montré une très bonne concordance et une forte corrélation entre les segmentations automatiques et les segmentations manuelles. De plus, La possibilité de mesurer l'épaisseur des couches rétinienne a une valeur potentielle pour la détection précoce des pathologies et le diagnostic des maladies. Ceci atteste que notre méthode fournit des résultats précis et donc que notre système peut être reproductible dans des applications cliniques.

## **Chapitre 4**

# **Segmentation des couches rétinienne chez des sujets pathologiques**

#### **4.1. Introduction**

La tomographie par cohérence optique (OCT), a été largement utilisée pour examiner les changements subtils de la rétine et constitue l'une des procédures standard de l'examen ophtalmologique clinique [110] ; [111]. Les structures rétinienne peuvent être clairement capturées grâce à la résolution de l'OCT au niveau du micromètre. Certaines maladies ophtalmologiques, comme la DMLA et l'OMD, sont diagnostiquées à partir des images d'OCT [112] ; [113]. Les directives existantes diagnostiquent ces maladies rétinienne sur la base d'une inspection visuelle des images OCT par des ophtalmologistes bien formés. Le développement récent de la technologie d'imagerie OCT a permis un déploiement clinique beaucoup plus large et les données d'images OCT se sont accumulées rapidement. Étant donné qu'un ophtalmologiste doit traiter des douzaines de patients, voire plus, cela a également introduit un défi majeur pour le diagnostic clinique, avec une charge de travail d'inspection visuelle plus lourde pour les petites lésions et un volume de données plus important. Des modèles efficaces de diagnostic assisté par ordinateur fournissent des mesures quantitatives et objectives pour faciliter les décisions cliniques. Alors, l'extraction des pathologies rétinienne à l'aide de ces logiciels automatiques est un élément essentiel pour la détection précoce ou pour établir un diagnostic afin de contrôler une action thérapeutique.

Par conséquent, nous nous focalisons dans ce chapitre sur la création d'un système de détection automatique sensible aux lésions de la DMLA et de l'OMD. Ce système peut faciliter l'examen initial des images OCT, et les cliniciens peuvent accorder une attention particulière aux lésions suspectes détectées automatiquement qui ont été manquées par l'examen humain. Le modèle créé doit optimiser l'utilisation des informations et des caractéristiques fournies par les images OCT au profit du patient et du médecin.

Dans un premier temps, nous allons tester la faisabilité de l'application de l'algorithme des k-moyennes à la détection des lésions de DMLA et nous verrons comment les caractéristiques extraites nous permettent de définir une règle de décision pour classer les patients sains et ceux atteints de DMLA.

Par la suite, nous étudions les solutions possibles pour surmonter les limites de l'algorithme k-means en proposant des algorithmes d'optimisation tels que les algorithmes génétiques. Cette optimisation nous permet d'adapter l'algorithme proposé afin qu'il puisse détecter à la fois les lésions de DMLA et l'OMD. Nous nous sommes limités à détecter les lésions des deux maladies et à les classer par rapport aux cas sains sans déterminer le stade de chaque maladie.

## **4.2. Identification de la dégénérescence maculaire liée (DMLA) à l'âge à l'aide d'images OCT**

L'objectif de cette partie du travail est de discuter et présenter les performances obtenues par l'algorithme que nous proposons pour la détection et l'identification de la DMLA en analysant et en quantifiant la couche de complexe hyper réfléchissant (HRC) extraite à l'aide des techniques de traitement d'image.

### **4.2.1. Problématique et contribution**

De nos jours, la dégénérescence maculaire liée à l'âge est le principal trouble visuel dans le domaine médical. La perte de vision est irréversible dans le cas de la DMLA et la cécité légale est même causée chez les personnes âgées de plus de 50 ans. Aujourd'hui, dans le monde, environ 5 % des personnes sont aveugles à cause de la DMLA. Lorsque la maladie atteindra un certain niveau de résultat, la prévalence de la cécité sera de 8,7 %. En raison de ce taux d'incidence élevé et de cette évolution rapide, notamment aux stades avancés de la maladie, la DMLA continue de susciter l'intérêt des scientifiques. Des chercheurs de partout dans le monde focalisent leurs efforts dans cette direction. En Algérie, et dans le monde, la situation est assez dramatique. Cependant, plus la maladie est détectée à un stade précoce, plus les chances de prévenir la cécité visuelle sont grandes.

La maladie débute par une phase précoce, non dégénérative, appelée DMLA sèche précoce. Cette phase est caractérisée par la formation de petits dépôts jaunes, appelés druses, qui s'accumulent sous la rétine entre l'épithélium pigmentaire rétinien (RPE) et la couche interne de la membrane de Bruch. Ces dépôts peuvent être dépistés avec une haute résolution par la technique de l'OCT. Dans les images OCT, les druses se présentent sous la forme d'ondulations et d'élévations dans la bande hyper-réfléchissante de RPE, avec un matériau moins réfléchissant en dessous, tandis que les couches rétinienne internes restent généralement intactes. Les personnes atteintes de druses ne présentent souvent aucun symptôme, mais l'existence de ces dépôts représente un risque de perte de vision future si la DMLA précoce évolue en formes dégénératives tardives.

La présence de la druse dans la région maculaire est une caractéristique déterminante de la DMLA. La détection précise des druses, constitue une indication précoce de la DMLA. En outre, l'extraction de ces derniers est indispensable pour un système d'analyse et de traitement des images rétinienne permettant de classer les cas sains et celles atteint de DMLA.



Comme, nous l'avons décrit dans le chapitre 2 ; Des efforts considérables ont été déployés pour développer différentes méthodes pour la détection de bio-marqueurs spécifiques de la DMLA. Cependant, la plupart des systèmes automatisés proposés dans la littérature sont basés sur des images du fond d'œil qui sont moins sensibles aux conditions pathologiques précoces de la DMLA. Il existe très peu de systèmes automatisés qui utilisent l'imagerie OCT pour le diagnostic précoce de la DMLA [114]. D'un autre côté, les algorithmes qui utilisent les données de l'OCT se basent uniquement sur diverses méthodes d'analyse d'image telles que la segmentation basée sur le niveau de gris ou le gradient et les contours actifs, dans lesquelles de nombreux paramètres doivent être ajustés, ce qui rend difficile une décision directe.

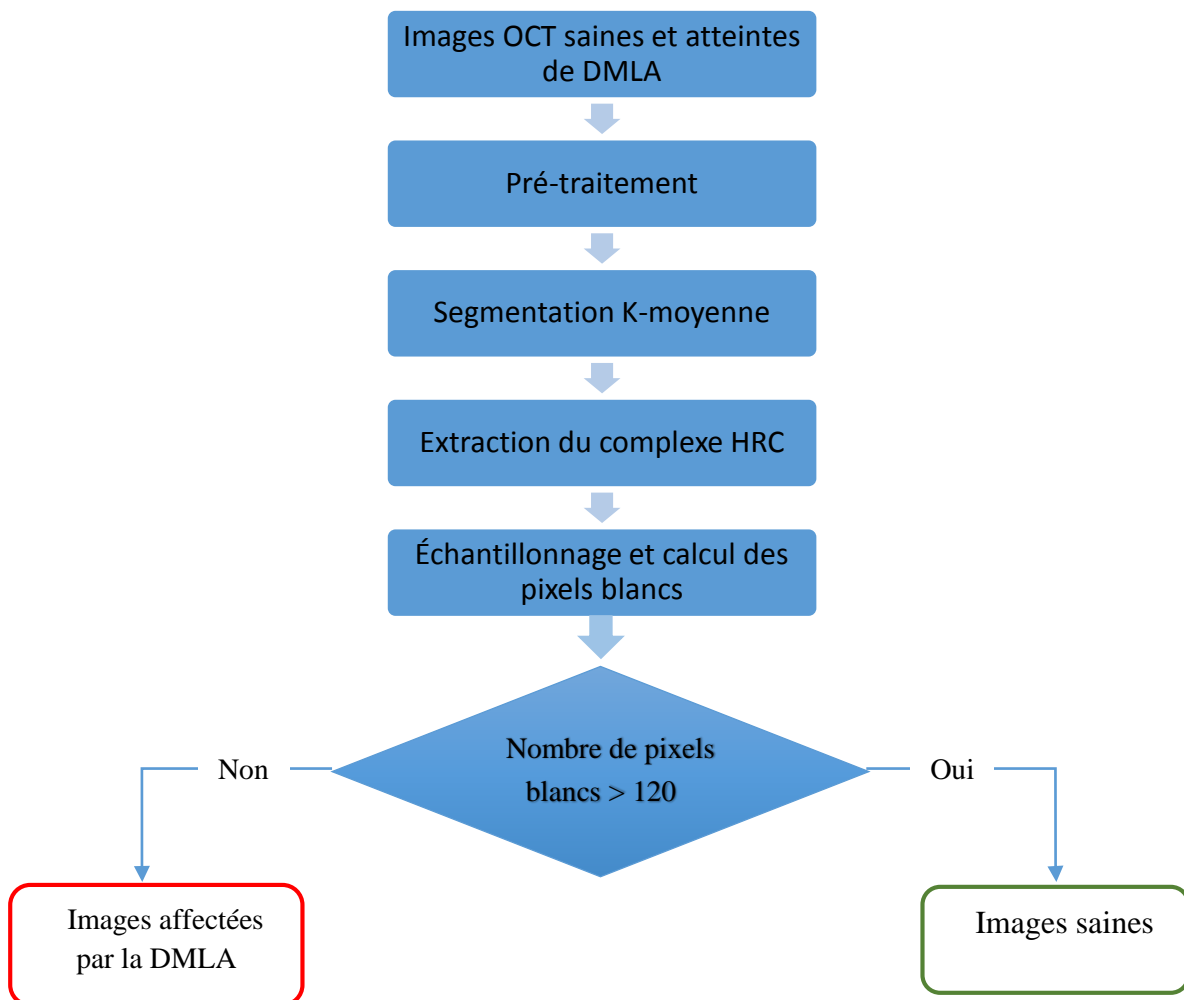
Tenant compte de ces insuffisances, nous avons proposé une nouvelle méthode pour l'identification et la détection de la DMLA. Cette approche est basée sur l'utilisation d'algorithme d'apprentissage non supervisé, il s'agit de Clustering K-moyennes. Il y a quelques raisons pour lesquelles nous choisissons de préférence l'apprentissage non supervisé. Voici quelques-uns de ces avantages :

- L'annotation des données exige beaucoup de travail manuel et de dépenses.
- L'apprentissage non supervisé résout le problème en apprenant les données et en les classant sans aucune annotation.
- Les étiquettes peuvent être ajoutées après la classification des données, ce qui est beaucoup plus facile.
- Le risque d'erreur manuelle est réduit au minimum.
- Il est très utile pour déterminer des caractéristiques dans les données, qu'il est impossible de les obtenir à l'aide des méthodes normales.
- Ce type d'apprentissage est en quelque sorte similaire à l'intelligence humaine, car le modèle apprend lentement et calcule ensuite le résultat.
- Il est relativement facile et rapide à mettre en œuvre.
- Elle se déroule en temps réel, de sorte que toutes les données d'entrée sont analysées et étiquetées en présence des apprenants.
- Il est plus facile d'obtenir des données non étiquetées à partir d'un ordinateur que des données étiquetées, qui nécessitent une intervention manuelle.

#### **4.2.2. Méthode proposée**

Dans cette section, nous nous concentrons sur la réalisation de la segmentation automatique des couches rétinienne pour des sujets sains et pathologiques. Nous avons appliqué nos

algorithmes à la détection de bio-marqueurs de la DMLA, sur la base d'un ensemble d'informations anatomiques préalables telles que l'apparition d'irrégularités dans la couche RPE due à l'accumulation de liquide entre RPE et la membrane de Bruch. Ces deux couches peuvent être combinées avec la couche IS/OS (segment interne et externe des photorécepteurs) et former le complexe hyper-réfléchissant HRC (hyper reflective complex) où les druses sont concentrées. Le complexe HRC est donc le siège de la DMLA. Enfin, notre objectif est d'extraire ce complexe à partir des images OCT dans les cas sains et pathologiques. Sur la base des anomalies liées à la DMLA sur ces couches, nous avons mis en œuvre une règle de décision pour classer les images OCT saines et celles affectées par la DMLA. Le processus de notre système est démontré à la **Figure 3.16.**, chaque étape sera détaillée par la suite.



**Figure 4.1. Processus proposé pour l'extraction des couches et la classification des images.**

#### **4.2.2.1. Prétraitement**

Comme toute technique d'imagerie qui base sa formation d'image sur des ondes cohérentes, les images OCT souffrent du bruit de speckle, qui en réduit la qualité d'image [38]. Le speckle est un bruit granulaire qui existe intrinsèquement et dégrade les images, ce qui rend l'analyse des images rétinienne difficile. Par conséquent, la pré-segmentation est une étape essentielle qui est utilisée pour améliorer la qualité de l'image, augmenter la précision et l'exactitude des algorithmes suivants pour éviter autant que possible les erreurs de segmentation. Plusieurs catégories de méthodes de débruitage ont été proposées dans la littérature comme la médiane [46] ; [43] le filtre gaussien à noyau et le filtre bilatéral. Dans cette étude, le filtre de diffusion complexe anisotrope est appliqué comme solution pour réduire le bruit [115], [38] ; [57]. Nous avons choisi cette méthode car elle assure le débruitage des couches rétinienne tout en préservant assez bien leurs contours, ce qui est essentiel dans notre cas pour assurer la détection des différentes interfaces. Le choix du filtre de diffusion complexe anisotrope nous permet de surmonter les problèmes d'autres filtres traditionnels tels que le filtre moyenneur [40] ou le filtre gaussien [80] ; [79] qui ne préservent pas les contours.

Le processus de diffusion non linéaire a été introduit dans le traitement des images par Malik et Perona en 1990. L'idée de base de ce filtre est de lisser l'image dans les zones homogènes, et non de faire évoluer l'image le long des contours, ou même de rehausser les contours, comme nous le verrons (Barra et Tilman, 2008), sinon, un fort lissage est effectué à la faible valeur du gradient de l'image, et vice versa. Le modèle ainsi proposé [84] ; [116]; [117] est défini comme suit :

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \text{div}(c(x, y, t)\nabla I) = \nabla c \cdot \nabla I + c(x, y, t) \Delta I \quad (4.1)$$

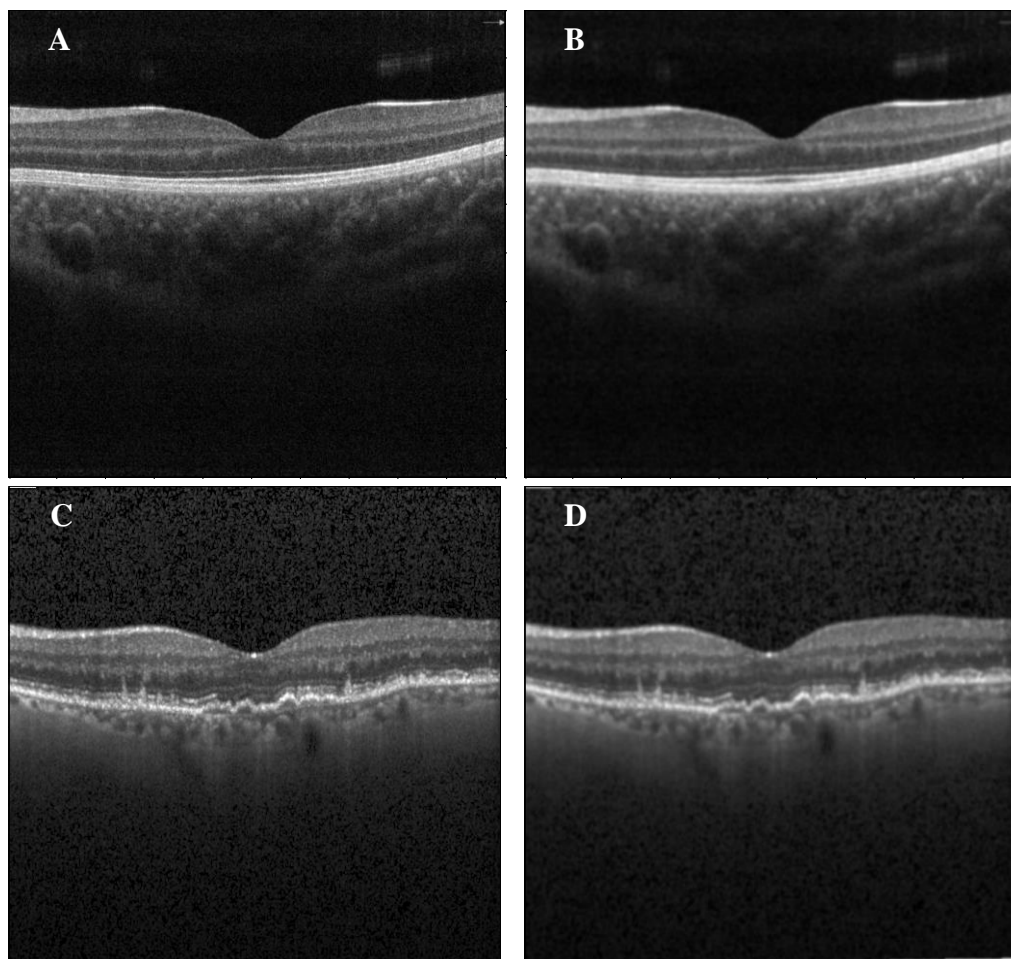
Où,  $\Delta$  désigne le Laplacien,  $\nabla$  désigne le gradient,  $\text{div}(\dots)$  est l'opérateur de divergence et  $c(x, y, t)$  est le coefficient de diffusion. Proposition de deux fonctions pour le coefficient de diffusion :

$$c(\|\nabla I\|) = \exp -(\|\nabla I\|/h)^2 \quad (4.2)$$

$$c(\|\nabla I\|) = \frac{1}{1+(\|\nabla I\|/h)^2} \quad (4.3)$$

Le comportement de ce type de filtrage est conditionné par le choix précis de deux paramètres : la barrière de diffusion  $h$  et le nombre d'itérations. La constante  $h$  contrôle la sensibilité aux bords. Elle est généralement choisie expérimentalement ou en fonction du bruit de l'image. Un  $h$  très élevé force tous les contours à être lissés. Le résultat est donc celui d'une diffusion

isotrope et inversement une valeur plus faible conduira à un renforcement du contraste de tous les contours, y compris ceux représentant le bruit. Le choix de cette barrière est donc basé sur la connaissance de l'utilisateur, a priori des données en question. Dans la **Figure 4.2.**, nous pouvons voir le résultat d'un tel filtrage pour  $h = 20$ .



**Figure 4.2. Filtrage des images OCT, (A) l'image saine originale (B) l'image saine filtrée (C) l'image DMLA originale (D) l'image DMLA filtrée.**

#### **4.2.2.2. Application de l'algorithme de classification K-moyennes**

Le principe du regroupement des pixels appartenant aux complexe HRC, et leur séparation par rapport aux autres régions se ramène à les classer dans des groupes selon certaines propriétés de ces objets. Du point de vue de la segmentation d'images, nous cherchons à construire des vecteurs de caractéristiques dans certaines zones typiques de l'image qui seront ensuite utilisés pour la classification de points dans l'image. Il existe une grande variété d'algorithmes de classification de pixels dans la littérature. Dans notre travail, nous avons choisi d'utiliser une technique de classification non supervisée : le K-moyennes (K-means clustering algorithm) étant donné qu'elle est très simple et facile à implémenter [118].

L'algorithme K-moyennes est un algorithme itératif qui tente de partitionner l'ensemble de données en K sous-groupes distincts et non chevauchants (clusters) prédéfinis où chaque point de données n'appartient qu'à un seul groupe. Il essaie de rendre les points de données intra-groupes aussi similaires que possible tout en gardant les groupes aussi différents (éloignés) que possible. Il affecte les points de données à un cluster de telle sorte que la somme des carrés de distance entre les points de données et le centroïde du cluster (moyenne arithmétique de tous les points de données qui appartiennent à ce cluster) soit minimale. Moins il y a de variation au sein des clusters, plus les points de données sont homogènes (similaires) au sein d'un même cluster. L'algorithme K-moyennes vise donc à choisir les centroïdes qui minimisent l'inertie, ou le critère de la somme des carrés à l'intérieur des clusters [119] :

$$\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^k \min_{\mu_j \in C} (\|x_i - \mu_j\|^2) \quad (4.4)$$

Où :  $\|x_i - \mu_j\|^2$  est la norme euclidienne au carré du point de données de  $i = 0, 1, 2, \dots, m$  et  $C$  est un cluster,  $x_i$  est le point de données  $x$  à  $i$  et  $\mu_j$  est le centroïde du cluster  $x_i$ .

Le fonctionnement de l'algorithme des K-moyennes est expliqué en plusieurs étapes :

- **Étape 1.** Déterminer la valeur "K", la valeur "K" représente le nombre de clusters.
- **Étape 2.** Sélection aléatoire de k centroïdes distincts (nouveaux points de données comme initialisation du cluster).
- **Étape 3.** Mesurez la distance (distance euclidienne) entre chaque point et le centroïde.
- **Étape 4.** Assigner chaque point au cluster le plus proche.
- **Étape 5.** Calculer la moyenne de chaque cluster comme nouveau centroïde.
- **Étape 6.** Répétez les étapes 3 à 5 avec le nouveau centre du cluster jusqu'à l'arrêt : Convergence (Pas d'autres changements). L'algorithme est arrivé au nombre maximum d'itérations.
- **Étape 7.** Calculer la variance de chaque cluster : Puisque l'algorithme K-moyennes ne peut pas "voir" la meilleure classification, sa seule option est de garder une trace de ces regroupements, et de leur variance totale, et de recommencer le tout avec des points de départ différents.
- **Étape 8.** Répétez les étapes 2 à 7 jusqu'à obtenir la somme de variance la plus faible et choisissez ces clusters comme résultat.

La figure suivante illustre l'aperçu de la classification K-moyennes :

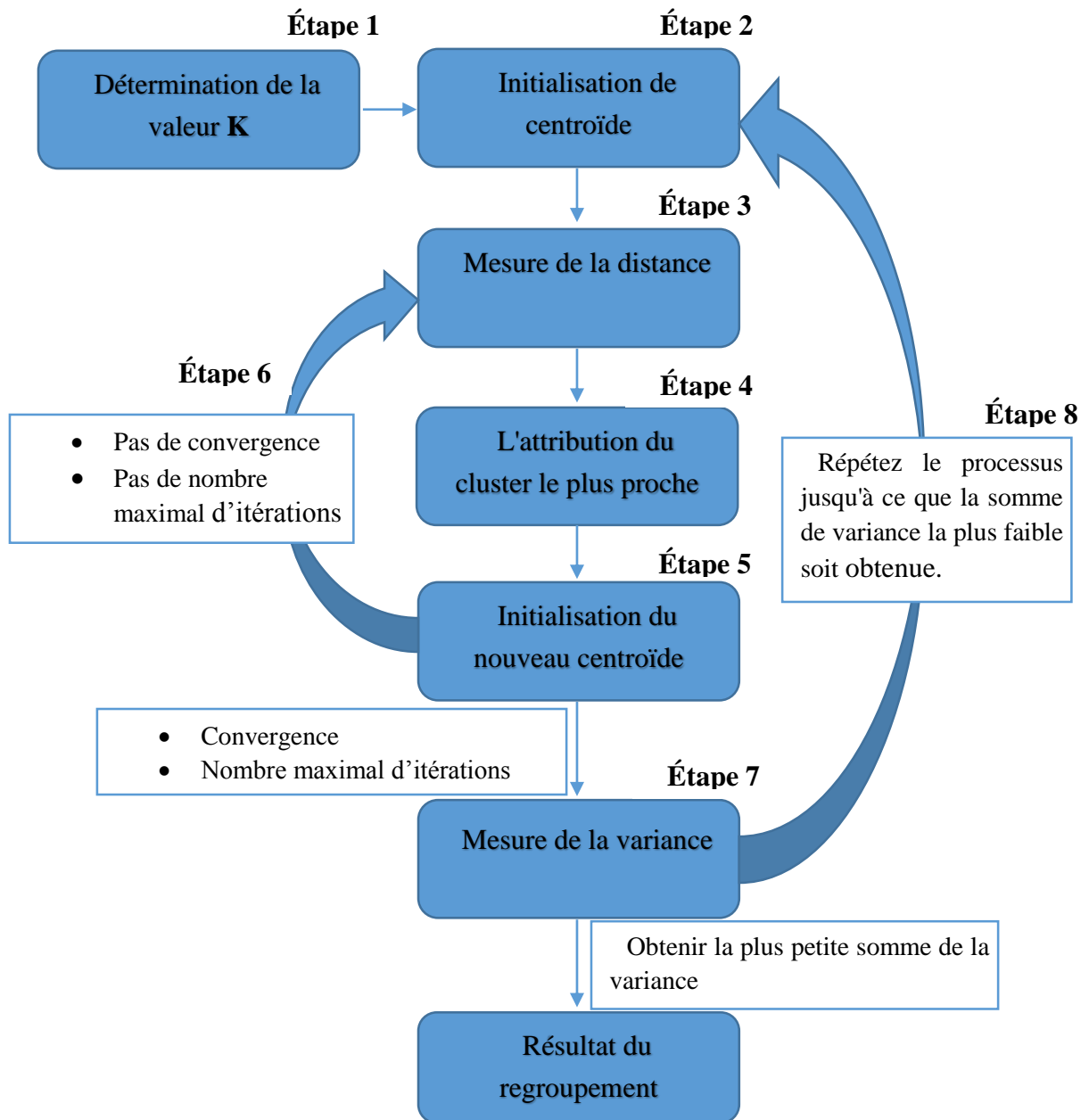


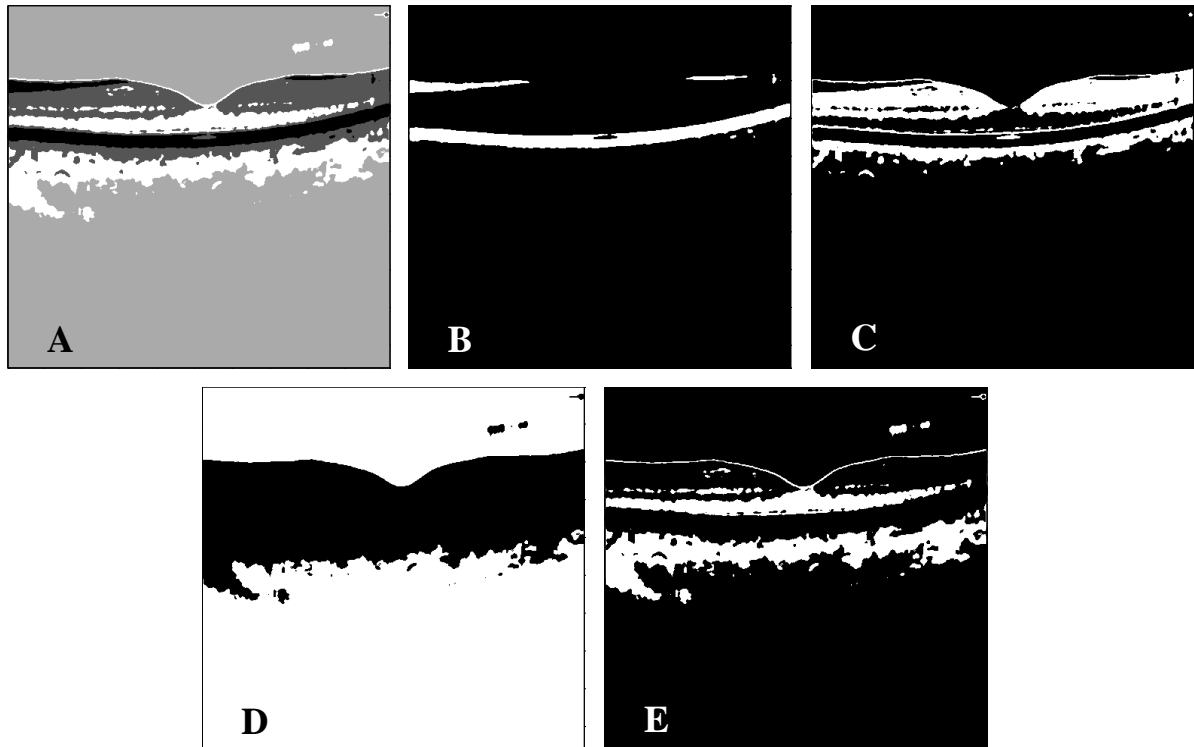
Figure 4.3. Organigramme de l'algorithme de clustering k-moyennes.

#### 4.2.2.3. Extraction du complexe hyper-réfléchissant (HRC)

Comme nous avons mentionné auparavant, les druses typiques de la DMLA apparaissent comme des dépôts entre la couche RPE et la couche colla-génique interne de la membrane de Bruch. Sur l'imagerie OCT, les druses peuvent être observées comme de petites lésions hyper-réfléchissantes discrètes dans la rétine neurosensorielle. Ces anomalies pigmentaires apparaissent comme une déformation ou un épaissement de RPE qui peut former des irrégularités et des ondulations. Ces ondulations affectent à leur tour les segments internes et externes (IS/OS) de la couche des photorécepteurs. Au total, les druses ont un impact direct sur les deux couches, à savoir la couche de RPE et la couche OS. Ces deux couches peuvent être

combinées et former le complexe HRC. Donc, ce complexe est limité entre la bordure IS/OS et la bordure RPE/membrane de Bruche. Cette étape vise donc à détecter ce complexe hyper-réfléchissant. Il s'agit de la bande d'image de haute intensité au-dessus de la choroïde.

Pour les deux cas sains et pathologiques, la zone HRC est localisée en utilisant les résultats de la classification k-moyennes en initialisant le nombre des classes  $k = 4$ . Le résultat de l'application de K-moyennes est illustré dans la figure IV.4.



**Figure 4.4.** Représentation des résultats de la détection du complexe HRC pour cas sain. (A): résultats de la segmentation k-moyennes (B): 1ère classe ;(C): 2ème classe ;(D): 3ème classe ;(E): 4ème classe.

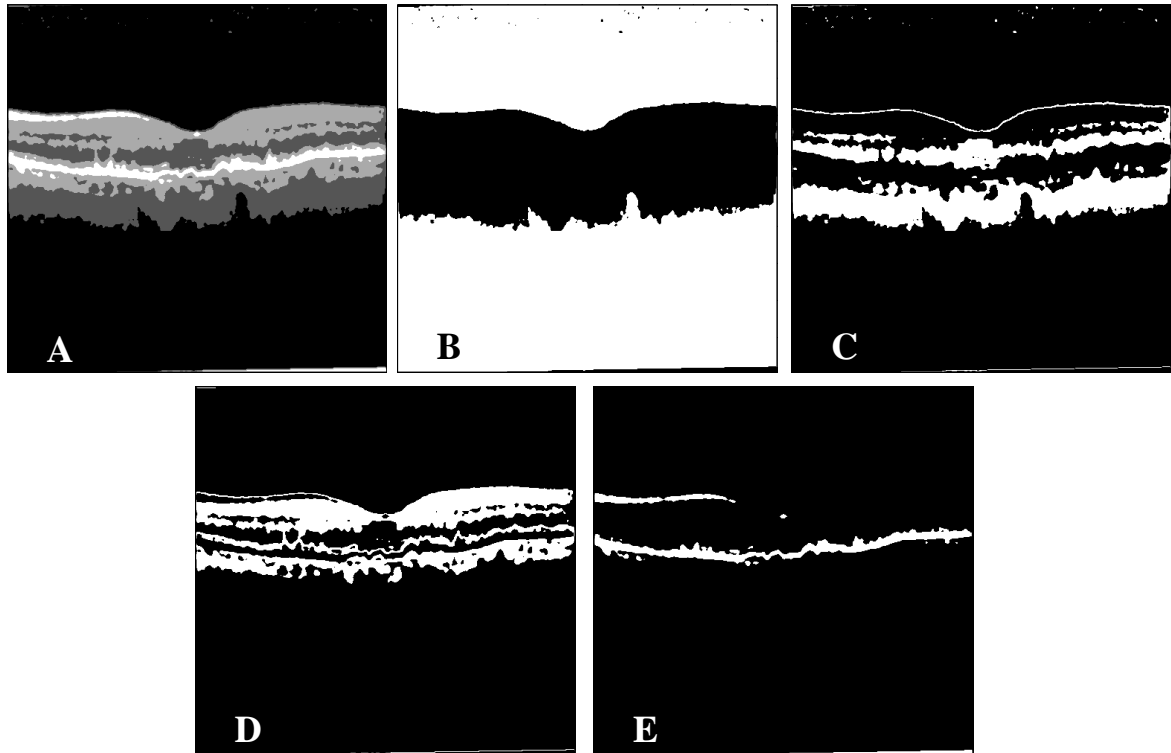


Figure 4.5. Représentation des résultats de la détection du complexe HRC pour cas pathologique. (A): résultats de la segmentation k-moyennes (B): 1ère classe ;(C): 2ème classe ;(D): 3ème classe ;(E): 4ème classe.

A chaque exécution, la classe attribuée à chaque région n'est pas la même. Le meilleur résultat que nous avons obtenu correspond à la première classe (**Figure 4.4. A**) pour le cas sain et à la quatrième classe (**Figure 4.5.E**) pour le cas DMLA. Le complexe HRC est clairement séparé de l'arrière-plan. Pour l'estimation des limites extérieures du complexe, les résultats de la classification ne sont pas fiables. Une partie de la choroïde apparaît souvent dans la même classe que la zone HRC, principalement la fin de la région fovéale, en raison de la similitude de leurs caractéristiques avec ceux du complexe HRC en termes d'intensité, de luminosité et de contraste. Pour cette raison, des opérateurs morphologiques ont été appliqués pour éliminer les petites régions isolées et les faux positives. En appliquant les opérateurs d'ouvertures (**équation 4.5**), tous les composants (objets) connectés qui n'appartiennent pas au complexe HRC sont supprimés, produisant une autre image binaire contenant uniquement les structures d'intérêt pour les deux cas (**Figure 4.6.B**) et (**Figure 4.6.E**).

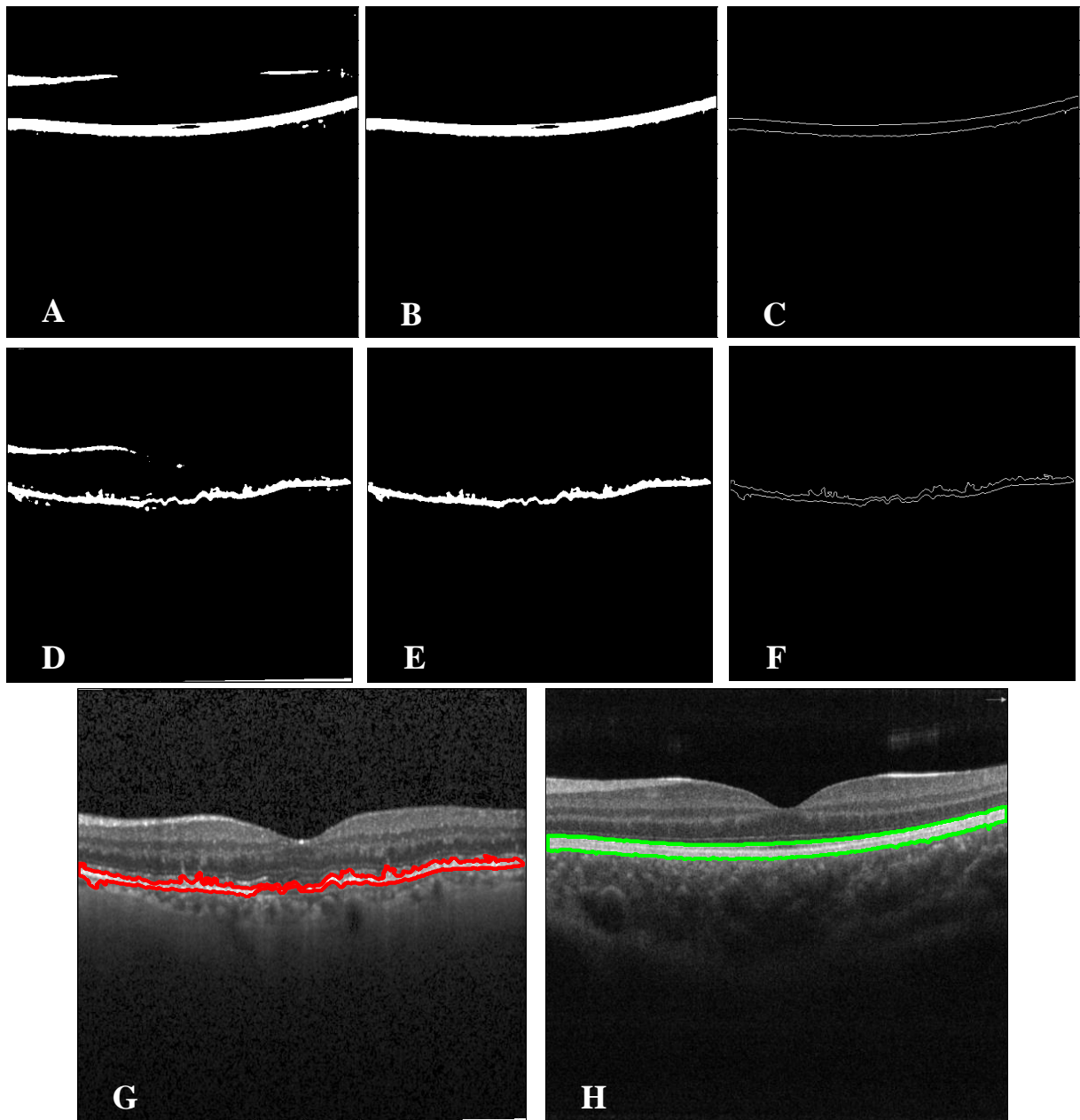
$$\gamma_B: F \mapsto (F \ominus B) \oplus B = \delta_B[\varepsilon_B(F)] \quad 4.5$$

$$\gamma_B(X) = \cup \{ \{B | B \subseteq X\} \}$$



Avec : F représente l'image à traiter et B l'élément structurant.

Ensuite, les contours de la zone HRC sont extraits de ces deux dernières images binaires sur l'image originale. Cette instruction renvoie une image binaire qui contient uniquement les pixels du périmètre des objets de l'image d'entrée, comme le montrent les figures (**Figure 4.6. C**) et (**Figure 4.6. F**). Le résultat final de détection de HRC est illustré dans la **Figure 4.6.**

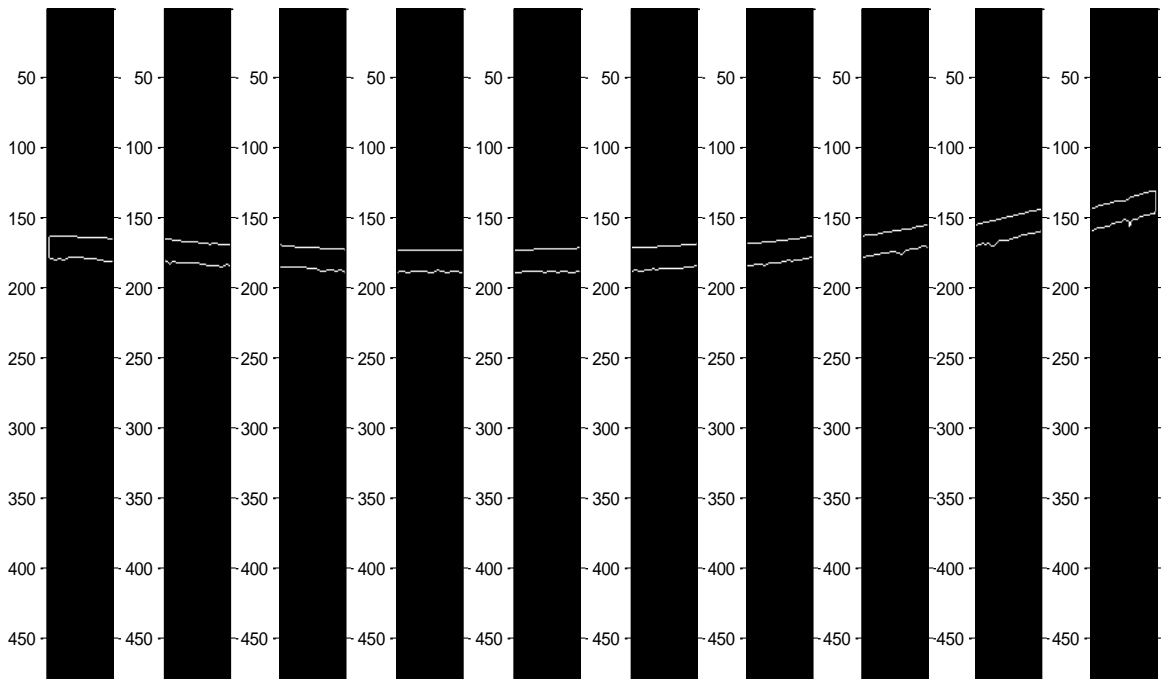


**Figure 4.6.**

#### **4.2.2.4. Échantillonnage et calcul des pixels blancs**

Dans les images de DMLA, les druses peuvent avoir de nombreuses propriétés distinctives. Leurs caractéristiques quantitatives et leur évolution dans le temps peuvent potentiellement être

un biomarqueur ou un indicateur puissant de la progression de la DMLA qui devrait être étudié en profondeur. Dans cette étude, nous avons systématiquement évalué la prévalence et la morphologie des druses dans la DMLA précoce en utilisant la technique d'échantillonnage et de comptage des pixels blanc qui pourrait identifier différentes caractéristiques des druses tel que l'épaisseur et la continuité du complexe HRC. Comme son nom l'indique, cette technique est composée de deux parties : la première consiste à diviser l'image contenant les contours du complexe HRC en plusieurs quadrants de même taille assurant le contrôle de la continuité du complexe, tandis que la seconde partie consiste à compter le nombre de pixels blancs dans chaque quadrant assurant ainsi l'estimation de l'épaisseur de ce complexe. À cette fin, la couche HRC extraite est subdivisée en dix sous-images de même taille, de sorte que chaque quadrant contient un fragment défini du contour interne et externe du complexe HRC comme le montre la figure suivante (**Figure 4.8.**).



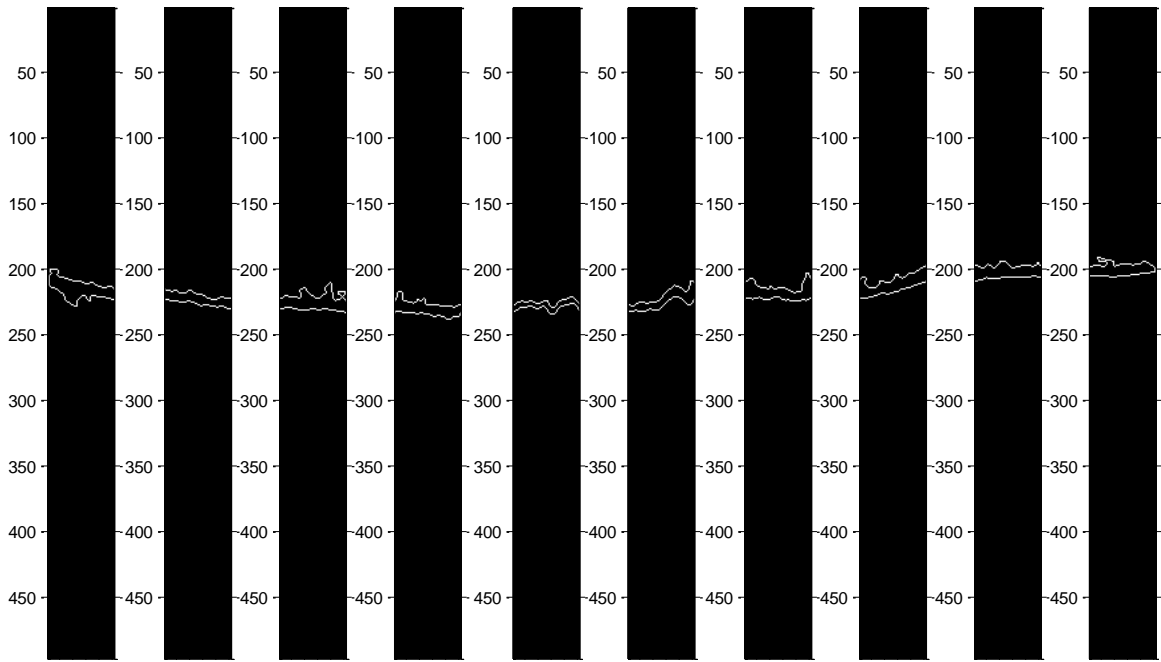


Figure 4.7. Echantillonnage de la couche HRC extraite pour les images saines (en haut) et pour les images affectées par la DMLA (en bas)

La surface dans chacune des dix sous-images est calculée et la valeur moyenne est calculée à l'aide de la formule suivante :

$$\text{valeur moyenne des pixels} = \frac{1}{10} \sum_{i=1}^{10} S_i \quad (4.5)$$

Avec,  $S_i$  représente la surface de chaque sous-images.

Cette surface est calculée pour l'ensemble d'images saines et l'ensemble d'images de DMLA, et nommée  $m_1$  et  $m_2$ , respectivement. En utilisant ces valeurs moyennes de pixel, la valeur moyenne  $M$ , est calculée pour définir un seuil en tant que :

$$M = \frac{m_1 + m_2}{2} \quad (4.6)$$

En utilisant cette valeur seuil, une règle de décision est prise afin de classer les images saines et les images affectées par la DMLA.

#### 4.2.2.5. Règle de décision

Si la surface de l'image de contrôle est inférieure à la valeur seuil fixée, l'image d'intérêt est classée comme une image affectée par la DMLA et si elle est supérieure aux valeurs seuils fixées, elle est classée comme une image normale c-à-dire :

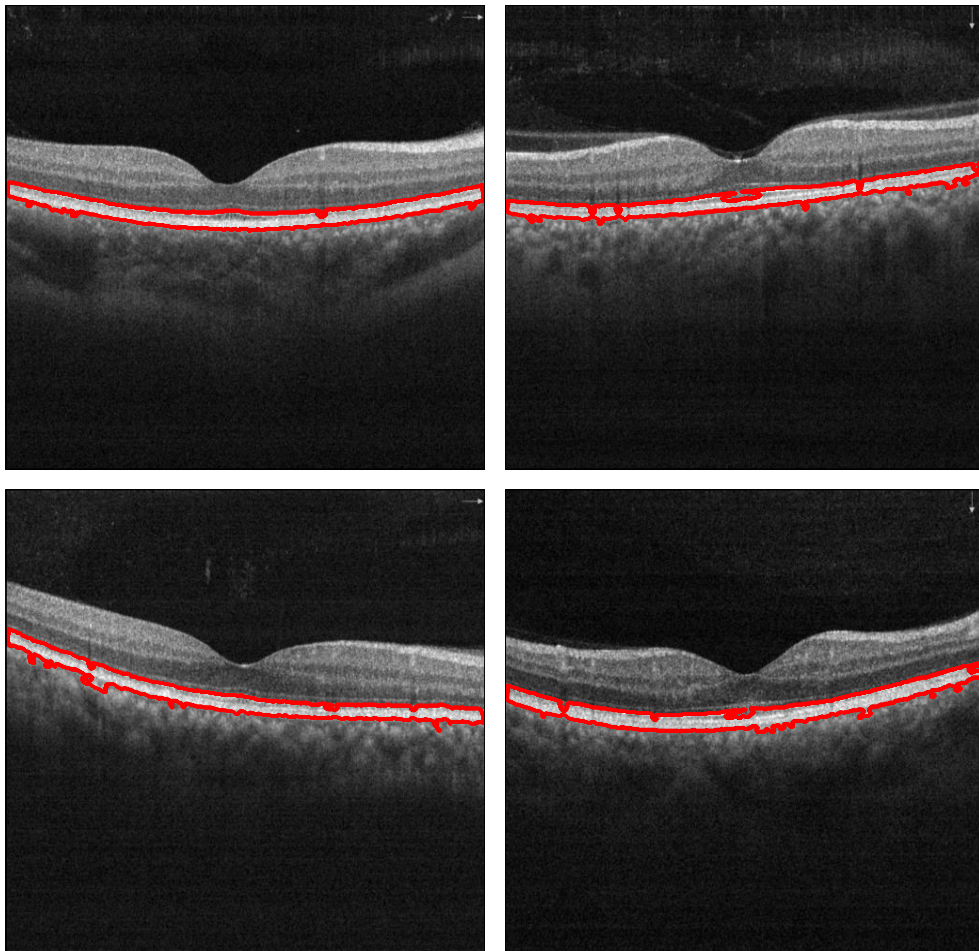
$M > 120$ , l'image d'intérêt est une image saine.

$M < 120$ , l'image concernée est une image affectée par la DMLA.

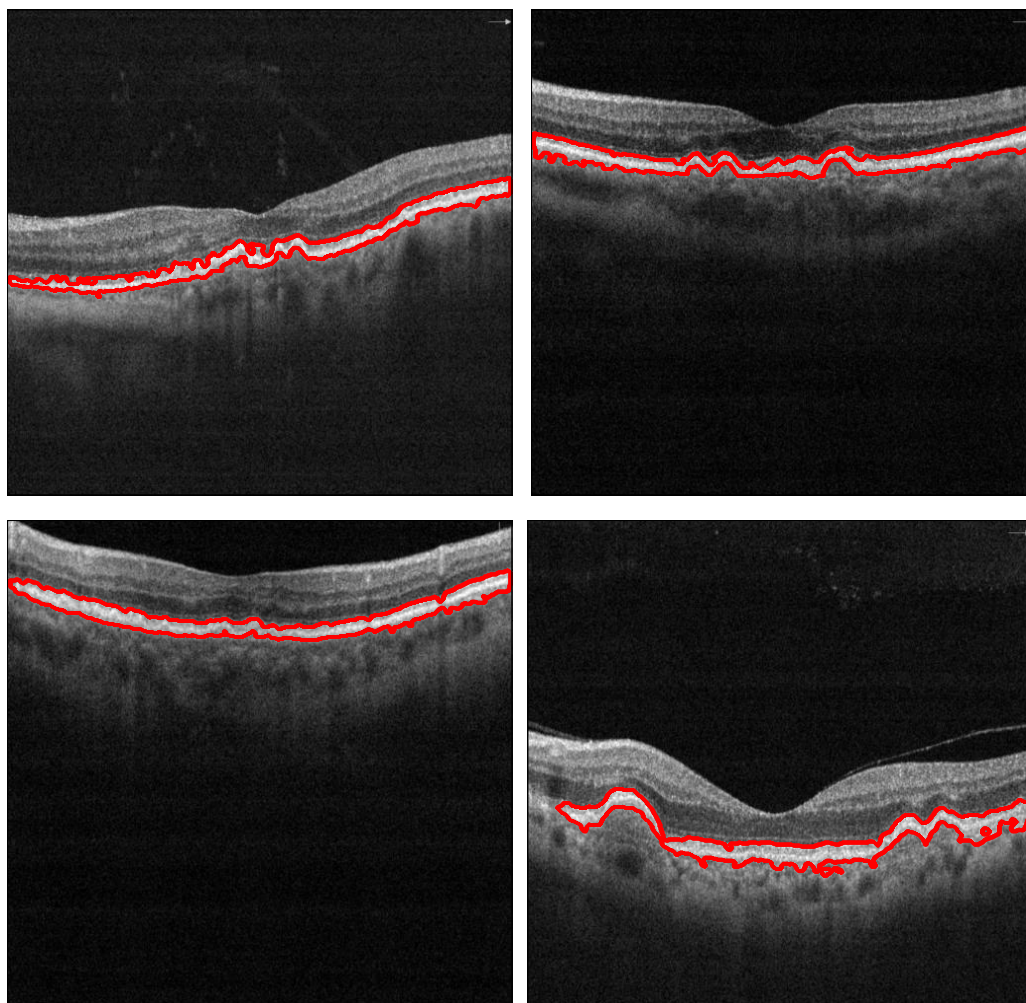
### 4.2.3. Résultats et discussions

Après l'extraction de la couche HRC, l'objectif principal de cette étude est de quantifier et d'analyser automatiquement les anomalies dues à la DMLA afin d'établir une règle de décision fiable comme biomarqueur pour différencier les cas sains des cas pathologiques. Dans cette section, nous allons détailler les résultats de la règle de décision comme suit.

Notre algorithme proposé est testé sur une série d'images issue de la base de données collectée en clinique LAZOUNI. Deux ensembles d'images saines et de DMLA, 8 images dans chaque groupe, sont pris pour l'expérimentation. 04 exemples de résultats de détection du complexe HRC pour chaque cas sont présentés respectivement dans **la Figure 4.8.** et **la Figure 4.9.**



**Figure 4.8. Résultats de détection du complexe HRC pour les cas sains.**



**Figure 4.9. Résultats de détection du complexe HRC pour les cas pathologiques.**

D'après les figures précédentes, il est clair que la méthode proposée présente une bonne performance pour la majorité des images pour les deux catégories. Notre algorithme a prouvé son efficacité dans la détection des druses : qu'ils soient petits ou grands, de formes différentes avec un contraste faible ou élevé, homogènes ou non, avec des contours bien ou mal définis, il préserve la forme, sinon l'information de contour, une notion importante dans le diagnostic des druses. Cependant, l'algorithme a échoué dans la détection de certaines druses où les limites internes et externes du complexe HRC peuvent être affectées par l'ombrage des vaisseaux qui diminue le contraste et l'intensité et par conséquent, l'algorithme n'a pas réussi à extraire les points de contour dans ces zones. De plus, dans certaines images, le contour va se situer au-delà du vrai contour et donc prendre des pixels qui n'appartiennent pas au complexe ce qui explique la baisse de la spécificité de l'algorithme, autrement l'augmentation du nombre de faux positifs (FP). La raison principale de cette baisse de précision est due à la présence de la choroïde sous la membrane de Bruch et qui représente une similitude de contraste avec le complexe HRC.

D'où l'importance des opérateurs morphologiques et les méthodes de filtrages pour supprimer aussi bien les FP et donc extraire le vrai contour.

A partir de chaque image résultante, on obtient un masque binaire contenant les bords du complexe HRC. Ces images binaires sont ensuite divisées en dix quadrants, afin de pouvoir vérifier la continuité de la couche RPE et d'en déterminer l'épaisseur. Un plus grand nombre d'échantillons peut être obtenu afin d'obtenir un résultat plus précis. Si l'épaisseur et la continuité des images sont détectées, cela aide à développer un système aide au diagnostic pour la classification des images affectées par la DMLA sur la base du surface calculé, qui est également une technique réalisable pour détecter le stade précoce de la DMLA. La surface dans chaque quadrant est calculée et les résultats sont présentés sous forme de tableau (**Tableau 4.1**) et (**Tableau 4.2**) pour les images saines et DMLA respectivement. Pour chaque image, la valeur moyenne des pixels présents dans les dix échantillons est également calculée et présentée sous forme de tableau ; la grande moyenne de toutes les surfaces présents dans toutes les images est ensuite calculée pour les images saines et pour les images affectées par la DMLA et appelée respectivement  $m_1$  et  $m_2$ .

**Tableau 4.1. Nombre moyen de pixels pour les images OCT saines.**

<b>Images</b>	<b>Q1</b>	<b>Q2</b>	<b>Q3</b>	<b>Q4</b>	<b>Q5</b>	<b>Q6</b>	<b>Q7</b>	<b>Q8</b>	<b>Q9</b>	<b>Q10</b>	<b>Moyenne</b>
<b>1</b>	131	125	112	102	144	146	105	104	116	123	120,8
<b>2</b>	114	102	131	111	133	145	102	131	130	113	121,2
<b>3</b>	129	142	154	110	120	120	113	120	113	113	123,4
<b>4</b>	159	120	108	138	108	107	123	185	116	120	128,4
<b>5</b>	129	113	127	102	133	129	104	111	122	146	121,6
<b>6</b>	134	151	107	102	168	147	102	116	130	132	128,9
<b>7</b>	118	131	124	119	140	105	170	135	132	126	130
<b>8</b>	129	132	116	145	128	126	107	126	102	112	122,3

**Tableau 4.2. Nombre moyen de pixels pour les images OCT affectées par la DMLA.**

<b>Images</b>	<b>Q1</b>	<b>Q2</b>	<b>Q3</b>	<b>Q4</b>	<b>Q5</b>	<b>Q6</b>	<b>Q7</b>	<b>Q8</b>	<b>Q9</b>	<b>Q10</b>	<b>Moyenne</b>
<b>1</b>	113	115	118	123	102	102	114	111	102	110,2	110,2
<b>2</b>	121	102	118	107	178	186	102	136	139	115	130,2

---

<b>3</b>	133	133	139	143	138	111	103	150	177	162	138,9
<b>4</b>	117	102	102	104	135	102	113	118	115	110	111,8
<b>5</b>	108	110	123	113	76	53	102	121	117	110	103,3
<b>6</b>	121	112	102	102	102	148	123	102	104	107	112,3
<b>7</b>	120	106	167	102	102	111	102	107	111	130	115,8
<b>8</b>	114	104	102	107	107	113	108	108	109	110	108,2

---

En faisant la moyenne de ces deux valeurs  $m_1$  et  $m_2$ , on obtient la valeur de seuil :

$$M = \frac{m_1 + m_2}{2} \quad (4.7)$$

Par conséquent, la règle de décision est la suivante : si la valeur moyenne d'une image est supérieure à  $M$ , l'image est dite normale et si la valeur moyenne est inférieure à  $M$ , l'image est dite DMLA puisque la valeur du nombre moyen de surface des images OCT saines  $m_1$  est supérieure à  $M$  et la valeur du nombre moyen de surface des images OCT DMLA  $m_2$  est inférieure à  $M$ . La règle de décision obtenue reflète exactement l'étiologie de la DMLA. L'accumulation de liquide entre RPE et la membrane de Bruch augmente ultérieurement l'épaisseur entre les deux couches et rend le complexe HRC plus mince ; c'est pourquoi la valeur moyenne des pixels  $m_2$  dans la DMLA est inférieure à la valeur moyenne des pixels  $m_1$  dans les cas sains. Dans cette expérimentation, sur 16 images, 8 images saines ont été prises, dont tous les images avaient une moyenne supérieure au seuil. De même, sur les 8 images de DMLA prises, 6 sont inférieures à la valeur seuil. Au total, sur les 16 images prises, 14 images ont répondu à la règle de décision, tandis que 2 images ont échoué, entraînant 2 faux négatif. Ceci conduit à une précision de 87.5% avec un faux négatif de 75%.

Toutefois, cette précision globale peut être améliorée soit en effectuant l'analyse pour un plus grand nombre d'échantillons et en analysant également la relation intra-échantillon entre surface, soit en augmentant le nombre d'échantillons et d'essais cliniques, ou bien en appliquant de meilleures méthodes de segmentation. Parmi ces différentes propositions d'optimisation, nous avons soutenu la solution consistant à utiliser de meilleures méthodes de segmentation. Ceci est dû au fait que les résultats considérés dépendent fortement de la méthode de segmentation utilisée. La segmentation des régions d'intérêt dans les images est l'un des principaux défis à relever pour la mise en œuvre efficace des applications de traitement

d'images, car le processus de segmentation est souvent difficile. Le succès ou l'échec de la segmentation des images détermine le succès des applications de traitement d'images. Par conséquent, l'utilisateur doit essayer de nombreux algorithmes de segmentation et choisir l'algorithme le plus performant pour l'exigence donnée [120].

La nouvelle méthode de segmentation que nous proposons consiste à optimiser l'algorithme standard K-moyennes avec des algorithmes évolutionnaires. Alternativement, nous avons réalisé un algorithme hybride combinant K- moyennes et l'algorithme génétique pour résoudre les principaux problèmes que peut présenter l'algorithme K- moyennes traditionnel. Les sections suivantes ont pour but de discuter de certaines de ses limites afin de mettre en évidence les avantages de l'utilisation de l'algorithme génétique pour la détection de la DMLA et l'OMD.

### **4.3. Détection de la DMLA et de l'OMD à l'aide d'un algorithme de segmentation K-moyennes optimisé**

#### **4.3.1. Problématique et contribution**

K-moyennes représente l'un des algorithmes de clustering exclusifs non supervisés les plus populaires [121]. Il est largement utilisé en raison de sa simplicité, de sa théorie fiable, de sa convergence rapide et de sa capacité à traiter efficacement de grandes quantités de données. Cependant, selon cette étude, l'utilisation de l'algorithme classique des K-moyennes présente deux inconvénients :

1. La première limitation de l'algorithme K-moyennes est qu'il est très sensible aux centres initiaux. Changer les centres initiaux influence fortement les résultats. L'algorithme K-moyennes continu à générer les centres des nouvelles classes et à affecter les échantillons à la classe présentant la plus petite distance jusqu'à ce qu'il constate que les nouveaux centres sont exactement identiques aux centres actuels. Dans ce cas, nous pouvons remarquer que les centres des clusters changent son emplacement étape par étape.

2. L'algorithme K-moyennes peut tomber dans les optima locaux et peut dans certain cas il ne trouve pas la solution optimale globale. Une des raisons pour lesquelles K- moyennes peut tomber dans un optimum local est qu'il s'arrête aux premiers centres stables, et n'a alors aucun moyen de les améliorer pour atteindre une meilleure solution. K- moyennes n'a aucun moyen de mesurer la qualité de la solution, et il s'arrête uniquement à la première solution disponible. Par conséquent, différentes exécutions de K-moyennes sur les mêmes données d'entrée peuvent produire des résultats différents.



Toutes ces limites soulignent la nécessité d'une approche différente, spécifique et parfaitement adaptée au problème. La technique la plus courante et la plus naïve consiste à essayer l'algorithme k-moyennes plusieurs fois avec différentes graines initiales et à recueillir le meilleur résultat. Cependant, la meilleure solution obtenue par cette procédure stochastique ne produit pas souvent des clusters globalement optimaux. A ce stade, plusieurs techniques ont été introduites pour affiner les points de départ de la méthode de clustering k-moyennes [122], [123], [124], [125], [126]. D'autre part, de nombreuses autres études ont tenté de combiner la méthode k-moyennes avec d'autres algorithmes heuristiques afin d'empêcher la méthode k-moyennes de converger vers des minima locaux, notamment le recuit simulé [127], [128] et l'algorithme génétique [129].

Dans cette section, nous avons opté à l'utilisation de l'algorithme génétique pour améliorer les résultats de l'algorithme classique K-moyennes. La principale contribution de cette technique est de montrer la faisabilité de l'application des algorithmes génétiques comme une méthode d'initialisation pour la technique K-moyennes, et de construire un nouveau modèle nommé algorithme de clustering K-moyennes à base génétique (*Genetic-based K-Means (GBKM) clustering algorithm*) qui améliore la qualité de la segmentation. L'algorithme GBKM combine l'efficacité et la capacité de recherche locale de l'algorithme K-moyennes avec la capacité d'optimisation globale améliorée de l'algorithme génétique pour obtenir un meilleur effet de regroupement [130]. Cette amélioration nous permet non seulement d'optimiser les capacités de l'algorithme K-moyennes traditionnel, mais aussi d'adapter notre algorithme pour évaluer quantitativement les lésions de deux maladies différentes en même temps, notamment la DMLA et l'OMD. Une description détaillée de notre processus est présentée dans les sections qui suivent.

#### **4.3.2. Méthode proposée**

Dans cette partie du travail, nous avons tenté de montrer comment l'optimisation de la méthode K-moyennes avec des algorithmes génétiques a le pouvoir d'augmenter la précision de la détection des lésions liées à la DMLA et à l'OMD. Pour évaluer cette précision, un processus complet a été établi. Tout d'abord, deux régions d'intérêt sont sélectionnées à l'aide de l'algorithme GBKM, à savoir le complexe HRC pour l'identification de la DMLA et le complexe RNFL pour l'identification de l'OMD. Ensuite, à partir de ces deux régions, un ensemble de caractéristiques quantitatives ont été extraites et introduites dans différents classificateurs pour classer les images et également déduire l'efficacité de l'approche proposée pour

déterminer les bonnes caractéristiques ce qui est traduit par la détection précise des régions. La Figure 4.10. présente un schéma fonctionnel des principales étapes de la méthode proposée.

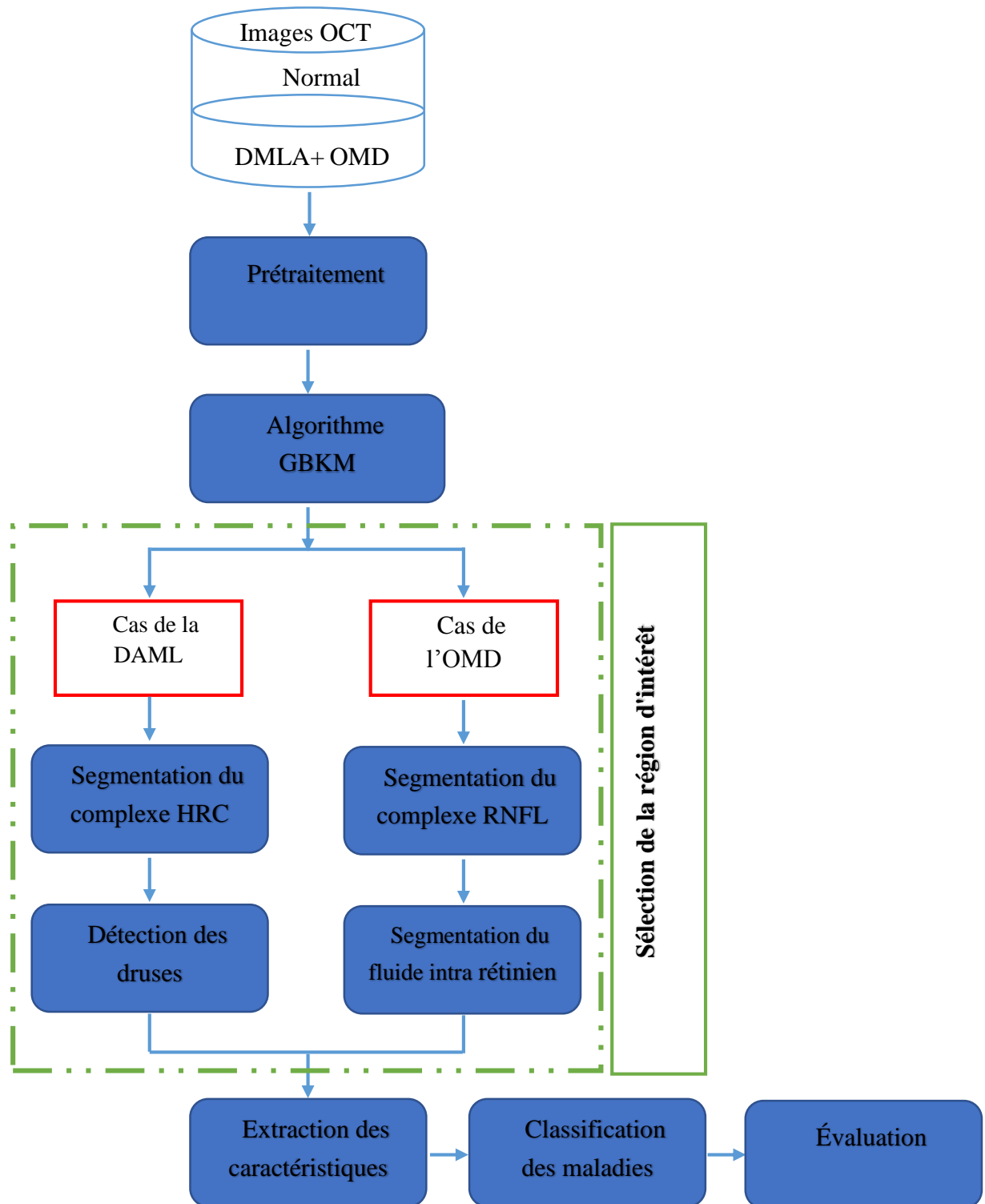


Figure 4.10. Méthode proposée pour extraire les maladies DMLA et OMD.

#### 4.3.2.1. Prétraitement

Les images OCT rétinienne ont des bords flous et peu clairs qui sont considérés comme du bruit. Ainsi, les images sont lissées en utilisant BM3D pour le prétraitement [131]. Une étude comparative a montré que le filtrage BM3D a un effet global plus élevé que les autres méthodes de filtrage [58]. BM3D est une méthode récente de débruitage basée sur le fait qu'une image a une représentation localement éparsée dans le domaine de la transformation. Cette sparsité est améliorée en regroupant les patches d'images 2D similaires en groupes 3D [132]. La **Figure 4.11.** suivante donne la légère intuition derrière cette méthode.

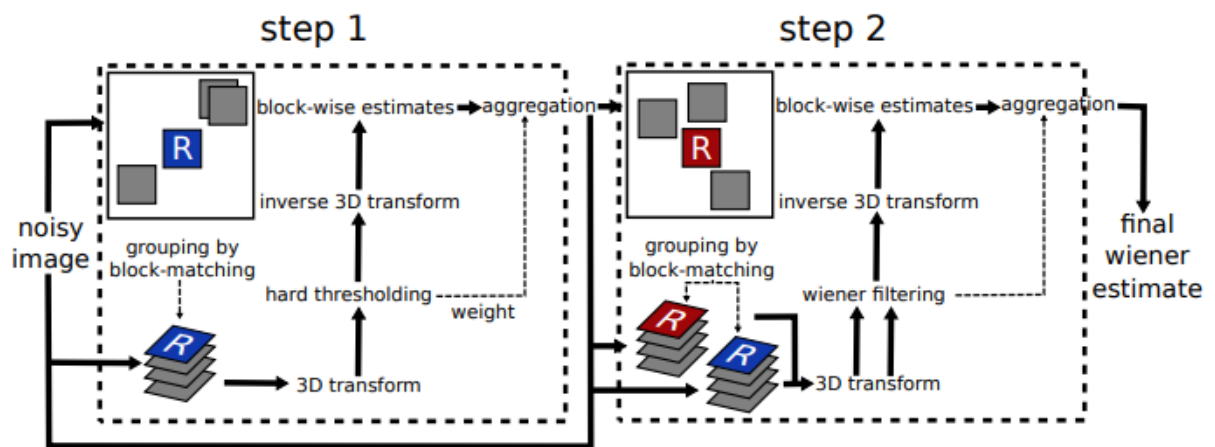
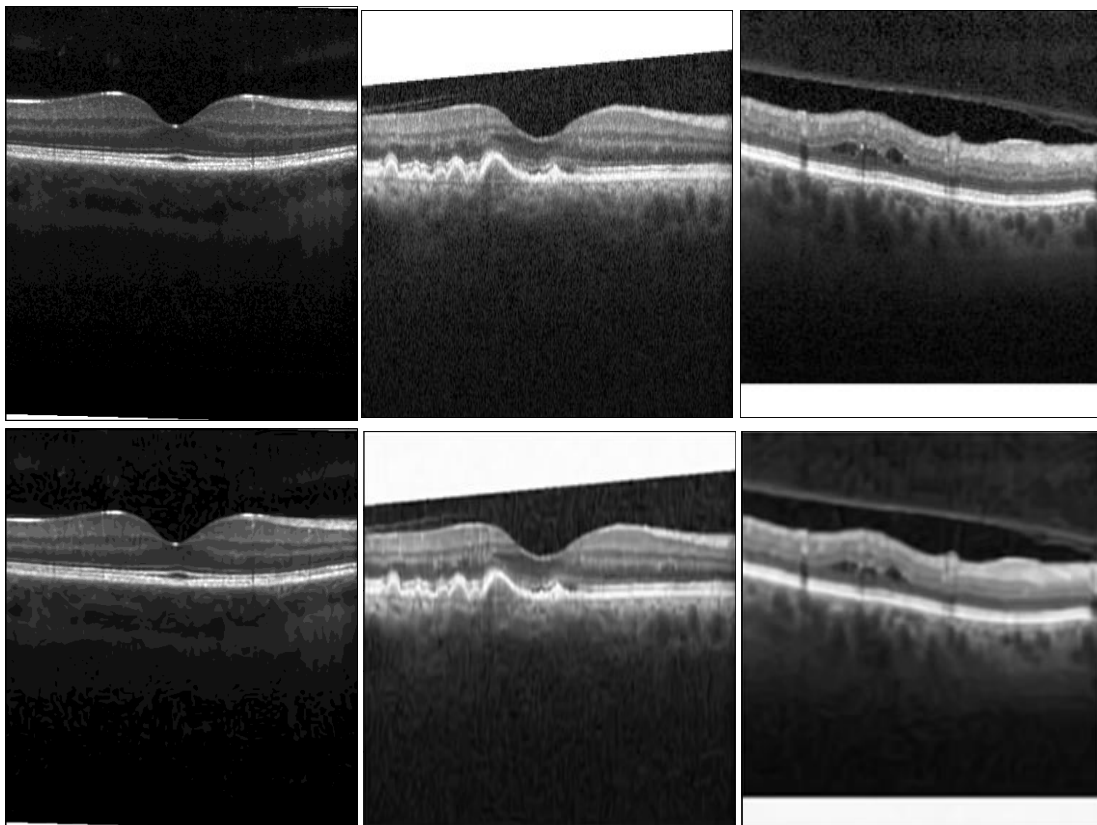


Figure 4.11. Schéma de l'algorithme BM3D. [132]

- 1) Le filtrage collaboratif est le nom de la procédure de regroupement et de filtrage BM3D. Elle est réalisée en quatre étapes :
- 2) Recherche des patches d'image similaires à un patch d'image donné et regroupement de ceux-ci dans un bloc 3D
- 3) Transformation linéaire 3D du bloc 3D ;
- 4) Rétrécissement des coefficients du spectre de la transformation ;
- 5) Transformation 3D inverse.

Ce filtre 3D débruite donc simultanément tous les patches d'images 2D du bloc 3D. En atténuant le bruit, le filtrage collaboratif révèle les détails les plus fins partagés par les patches regroupés. Les patches filtrés sont ensuite replacés à leur position initiale. Comme ces patches se chevauchent, on obtient de nombreuses estimations qui doivent être combinées pour chaque pixel. L'agrégation est une procédure particulière de calcul de la moyenne utilisée pour tirer parti de cette redondance. La première étape du filtrage collaboratif est grandement améliorée par une seconde étape utilisant le filtrage de Wiener. Cette deuxième étape imite la première, à deux différences près. La première différence est qu'elle compare les patches filtrés au lieu des

patches originaux. La seconde différence est que le nouveau groupe 3D (construit avec les échantillons d'image non traités, mais en utilisant les distances entre les patches de l'image filtrée) est traité par un filtrage de Wiener au lieu d'un simple seuil. L'étape finale d'agrégation est identique à celle de la première étape. Le résultat final de filtrage est représenté dans la figure suivante :



**Figure 4.12. Résultat final de filtrage de BM3D ; première ligne représente les images originaux et la deuxième ligne représente les images filtrées pour chaque cas : sain (en gauche), DMLA (en milieu) et OMD (en droite).**

#### **4.3.2.2. Optimisation avec l'algorithme génétique**

La recherche opérationnelle (RO) est une discipline moderne qui englobe le développement et l'utilisation d'un large éventail de modèles mathématiques, des statistiques et des algorithmes pour modéliser et résoudre des problèmes complexes dans le but de déterminer la solution optimale et d'améliorer la prise de décision. En conséquence, il existe différentes techniques d'optimisations proposées par les chercheurs en RO pour effectuer l'optimisation des données. Ces algorithmes d'optimisation peuvent être classés en différentes manières en fonction de l'objectif de chaque algorithme **Figure 4.13.**

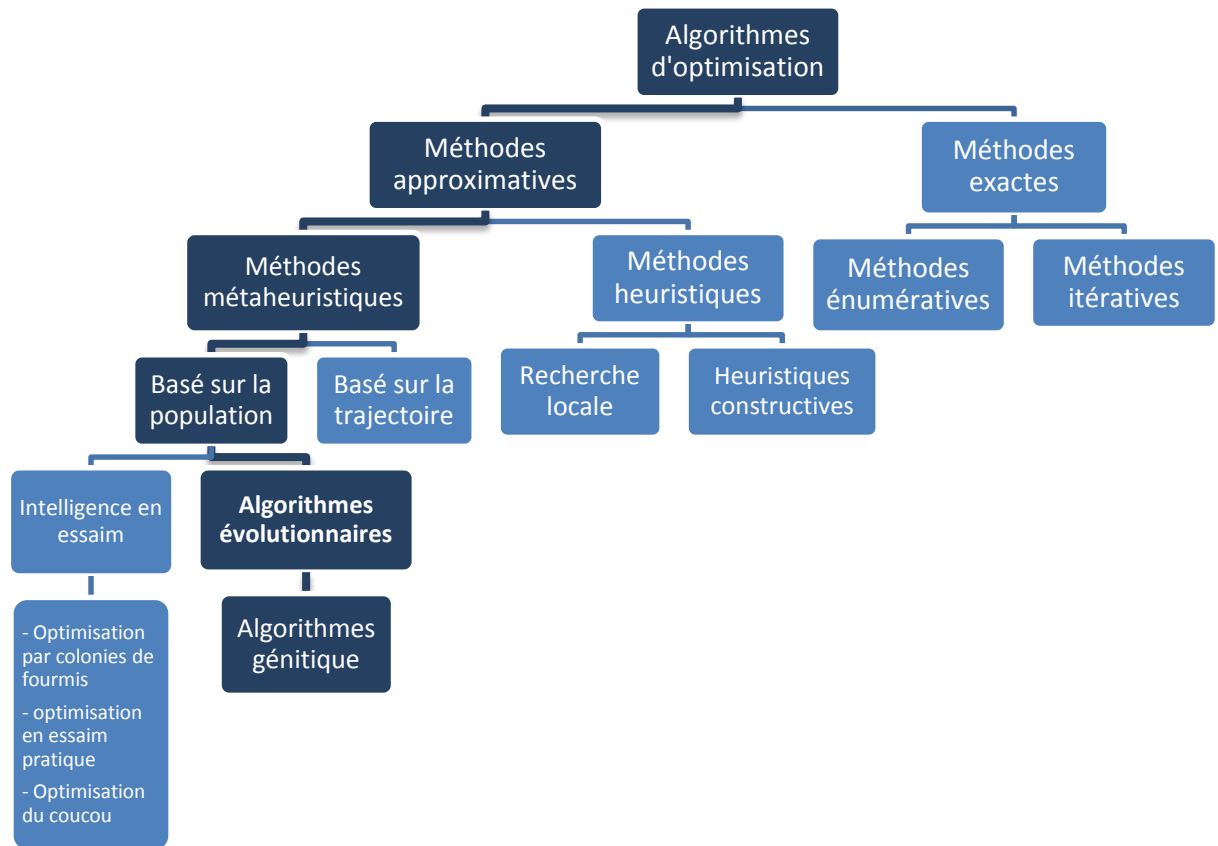


Figure 4.13. Classification des techniques d'optimisation (adapté de [133]).

Étant donné que le nombre de configurations réalisables peut être important et qu'il n'est pas possible d'atteindre la solution optimisée par des méthodes exactes, l'utilisation d'outils intelligents est nécessaire pour résoudre ces problèmes. Les méthodes approximatives apparaissent comme des méthodes efficaces pour résoudre les problèmes d'optimisation complexes. Ils sont généralement des heuristiques consistant à trouver une solution proche de l'optimum en un temps relativement raisonnable. Ces méthodes sont très intéressantes pour le traitement des problèmes d'optimisation de grande taille.

Des progrès importants ont été réalisés avec l'apparition d'une nouvelle génération de méthodes approchées puissantes, adaptables et applicables à une large classe de problèmes, souvent appelées métaheuristiques [134] ; [135]. Ces algorithmes peuvent être classés en deux catégories : les algorithmes basés sur la trajectoire et les algorithmes basés sur la population. Il existe une différence principale entre ces deux catégories : dans l'algorithme basé sur la trajectoire, une seule solution sur l'espace de recherche est évoluée à chaque itération pour atteindre la solution optimale, alors que dans l'algorithme basé sur la population, un ensemble de solutions en parallèle à chaque itération. Le principe général de ces méthodes consiste à

combiner des solutions entre elles pour en former de nouvelles en essayant d'hériter des bonnes caractéristiques des solutions parents. Un tel processus est répété jusqu'à ce qu'un critère soit satisfait. Parmi ces algorithmes à population, on retrouve : les algorithmes évolutionnaires.

#### **d. Algorithmes évolutionnaires (AE)**

Un algorithme évolutionnaire est considéré comme une composante du calcul évolutionnaire en intelligence artificielle. Un AE fonctionne par le biais d'un processus de sélection dans lequel les membres les moins adaptés de la population sont éliminés, tandis que les membres adaptés sont autorisés à survivre et à continuer jusqu'à ce que de meilleures solutions soient déterminées. En d'autres termes, les algorithmes évolutionnaires sont des applications informatiques qui imitent les processus biologiques afin de résoudre des problèmes complexes. Au fil du temps, les membres aptes évoluent pour présenter la solution optimisée au problème.

On peut dire que l'optimisation est réalisée à l'aide d'algorithmes évolutionnaires. La différence entre les algorithmes traditionnels et les AE est que ces derniers ne sont pas statiques mais dynamiques car ils peuvent évoluer dans le temps. Les algorithmes évolutionnaires présentent trois caractéristiques principales :

- 1) Baser sur la population : les algorithmes évolutionnaires visent à optimiser un processus dans lequel les solutions actuelles sont mauvaises pour générer de nouvelles solutions meilleures. L'ensemble des solutions actuelles à partir desquelles les nouvelles solutions doivent être générées est appelé la population.
- 2) Orienter vers la performance : s'il existe plusieurs solutions, comment dire qu'une solution est meilleure qu'une autre ? Il existe une valeur de pertinence ou bien une valeur de mérite associée à chaque solution individuelle, calculée à partir d'une fonction de fitness. Cette valeur reflète la qualité de la solution.
- 3) Axé sur la variation : S'il n'y a pas de solution acceptable dans la population actuelle selon la fonction de fitness calculée à partir de chaque individu, nous devons faire quelque chose pour générer de nouvelles solutions meilleures. Par conséquent, les solutions individuelles subiront un certain nombre de variations pour générer de nouvelles solutions.

Il existe trois types fondamentaux d'algorithmes évolutionnaires, à savoir :

- Algorithmes génétiques.
- Programmation évolutive.

- Stratégies évolutionnistes.

Parmi ces différents types d'algorithmes, nous allons passer à l'AG et appliquer ces termes.

#### **e. Algorithme génétique (AG)**

L'AG est une méthode de recherche globale stochastique qui imite la métaphore de l'évolution biologique naturelle. Les AG opèrent sur une population de solutions potentielles en appliquant le principe de la survie du plus apte pour produire (avec un peu de chance) des approximations de plus en plus précises d'une solution. À chaque génération, un nouvel ensemble d'approximations est créé par le processus de sélection des individus en fonction de leur niveau d'aptitude dans le domaine du problème et de leur reproduction à l'aide d'opérateurs empruntés à la génétique naturelle. Ce processus conduit à l'évolution de populations d'individus qui sont mieux adaptés à leur environnement que les individus à partir desquels ils ont été créés, tout comme dans l'adaptation naturelle.

#### **f. Les AGs versus méthodes traditionnelles**

Les GA diffèrent considérablement des méthodes traditionnelles à bien des égards, les quatre différences les plus significatives étant les suivantes :

- Les AG recherchent une population de points en parallèle, et non un point unique.
- Les AG ne nécessitent pas d'informations dérivées ou d'autres connaissances auxiliaires ; seule la fonction objective et les niveaux de fitness correspondants influencent les directions de recherche.
- Les AG utilisent des règles de transition probabilistes, et non déterministes.
- Les AG travaillent sur un codage de l'ensemble de paramètres plutôt que sur l'ensemble de paramètres lui-même (sauf lorsque des individus à valeur réelle sont utilisés).

Il ressort clairement de ce qui précède que la technique des AG surpasse les autres méthodes traditionnelles dans la plupart des problèmes, car il s'agit d'une méthode plus générale et plus souple, capable de rechercher dans un large espace de solutions tout en évitant de tomber dans un minimum local.

Les avantages de la méthode AG pour l'optimisation (par rapport aux approches alternatives basées sur la minimisation) incluent le fait que les membres de la population initiale ne sont pas tenus d'être proches du minimum global, et le fait que le calcul AG ne s'arrête pas lorsqu'un

minimum local sur l'hyper-surface est atteint. En général, le calcul de l'AG est effectué pendant un nombre déterminé de générations ou jusqu'à ce qu'un certain critère présélectionné (basé, par exemple, sur la valeur de G pour le meilleur membre de la population) soit atteint. Une autre particularité cruciale de l'approche AG est qu'elle fonctionne efficacement de manière parallèle ; de nombreuses variables différentes, et donc différentes régions de l'espace des paramètres, sont étudiées simultanément. De plus, les informations concernant les différentes régions de l'espace des paramètres sont transmises activement entre les variables individuelles par la procédure d'accouplement, disséminant ainsi l'information génétique dans toute la population. Cet échange d'informations entre les variables de caractères est une caractéristique importante qui confère une certaine efficacité à l'approche AG. La nature parallèle implicite de l'approche AG en fait une méthode d'optimisation efficace et robuste et la rend particulièrement avantageuse pour l'optimisation de fonctions de nombreuses variables. Un espace de recherche est un ensemble de toutes les solutions possibles au problème. Les algorithmes traditionnels ne conservent qu'un seul ensemble dans un espace de recherche, tandis que les algorithmes génétiques utilisent plusieurs ensembles dans un espace de recherche.

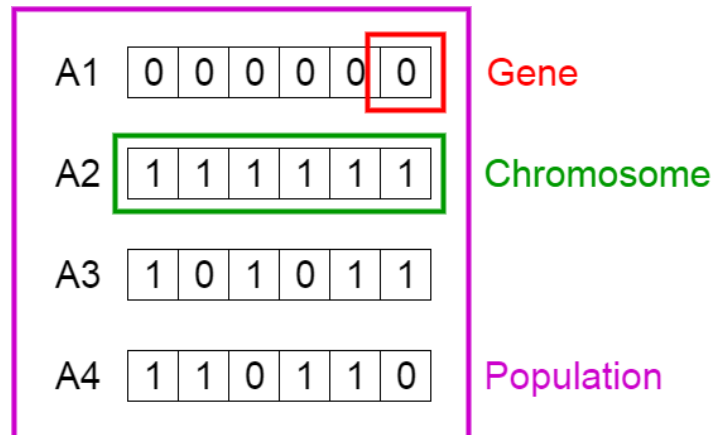
#### **g. Principe général du fonctionnement d'un AG**

Comme nous l'avons mentionné ci-dessus, une AG est une méthode de recherche inspirée de la théorie de l'évolution naturelle de Charles Darwin. Cet algorithme reflète le processus de sélection naturelle où les individus les plus aptes sont sélectionnés pour la reproduction afin de produire la descendance de la génération suivante. Le processus de sélection naturelle commence par l'identification des éléments les plus aptes de la population initiale. Ces éléments produisent ce qu'on appelle la progéniture, qui hérite des caractéristiques des parents et sera transmise à la génération suivante. Si l'aptitude des parents est bonne, la progéniture sera meilleure et les générations survivront. Le même processus continue d'itérer jusqu'à ce qu'une nouvelle génération avec les éléments les plus aptes soit formée. Ce concept peut être appliqué aux problèmes de recherche : un ensemble de solutions est pris en considération et la meilleure solution est sélectionnée. Cinq phases sont considérées dans un algorithme génétique :

- 1) **Initialiser une population de solutions** : Chaque processus commence par un ensemble d'éléments (également appelés individus) appelé population. Chaque élément de la population est une solution réelle au problème. Un individu est caractérisé par un ensemble de paramètres (variables) connus sous le nom de gènes. Les gènes sont réunis en une chaîne pour former un chromosome (solution). Dans un algorithme génétique, l'ensemble des gènes d'un individu est représenté par une chaîne, en termes d'alphabet.



Habituellement, on utilise des valeurs binaires (chaîne de 1 et de 0). On dit que l'on code les gènes dans un chromosome.



- 2) **Calculer la valeur de fitness des solutions de la population** : la fonction d'aptitude ou la fonction d'évaluation détermine l'aptitude d'un individu (sa capacité à rivaliser avec d'autres individus). Elle attribue un score de fitness à chaque individu. La probabilité qu'un individu soit sélectionné pour la reproduction est basée sur son score de fitness.
- 3) **Sélectionner les meilleures solutions en tant que parents** : l'idée de la phase de sélection est de sélectionner les meilleurs individus en fonction de leur qualité pour générer ce que l'on appelle un pool d'accouplement où l'individu de meilleure qualité a une plus grande probabilité d'être sélectionné dans le pool d'accouplement.
- 4) **Accoupler les parents sélectionnés** : les individus du pool d'accouplement sont appelés parents. Chaque fois que deux parents sont sélectionnés dans le pool d'accouplement, ils génèrent deux descendants (enfants). En accouplant uniquement des individus de haute qualité, on s'attend à obtenir une progéniture de meilleure qualité que ses parents. Cela empêchera les mauvais individus de générer d'autres mauvais individus. En continuant à sélectionner et à accoupler des individus de haute qualité, il y aura plus de chances de conserver les bonnes propriétés des individus et d'éliminer les mauvaises. Enfin, on obtiendra la solution optimale ou acceptable souhaitée.
- 5) **Créer une nouvelle population** : la progéniture actuellement générée à l'aide des parents sélectionnés a juste les caractéristiques de ses parents et pas plus, sans changement. Il n'y a rien de nouveau qui lui a été ajouté et donc les mêmes inconvénients de ses parents existeront dans la nouvelle descendance. Pour surmonter ce problème, certaines modifications seront appliquées à chaque descendance pour créer de nouveaux individus. Pour chaque paire de parents sélectionnés, il y a un certain nombre d'opérateurs de variation à appliquer tels que : Le croisement et la mutation. Le croisement génétique est pour la création de nouveaux individus, tandis que la mutation

est pour que le pool génétique ne s'affaiblisse pas. L'ensemble de tous les individus nouvellement générés constituera la nouvelle population qui remplacera l'ancienne population précédemment utilisée. Chaque population créée est appelée une génération. Le processus de remplacement de l'ancienne population par la nouvelle est appelé remplacement.

- 6) **Répétez les étapes 2 à 5 pour un certain nombre de générations** (itérations de l'algorithme), ou jusqu'à ce qu'une condition soit remplie. Celui-ci est défini avant que le processus ne commence. La solution est alors représentée par le meilleur individu de la première génération. La **Figure 4.14** résume les étapes de l'AG.

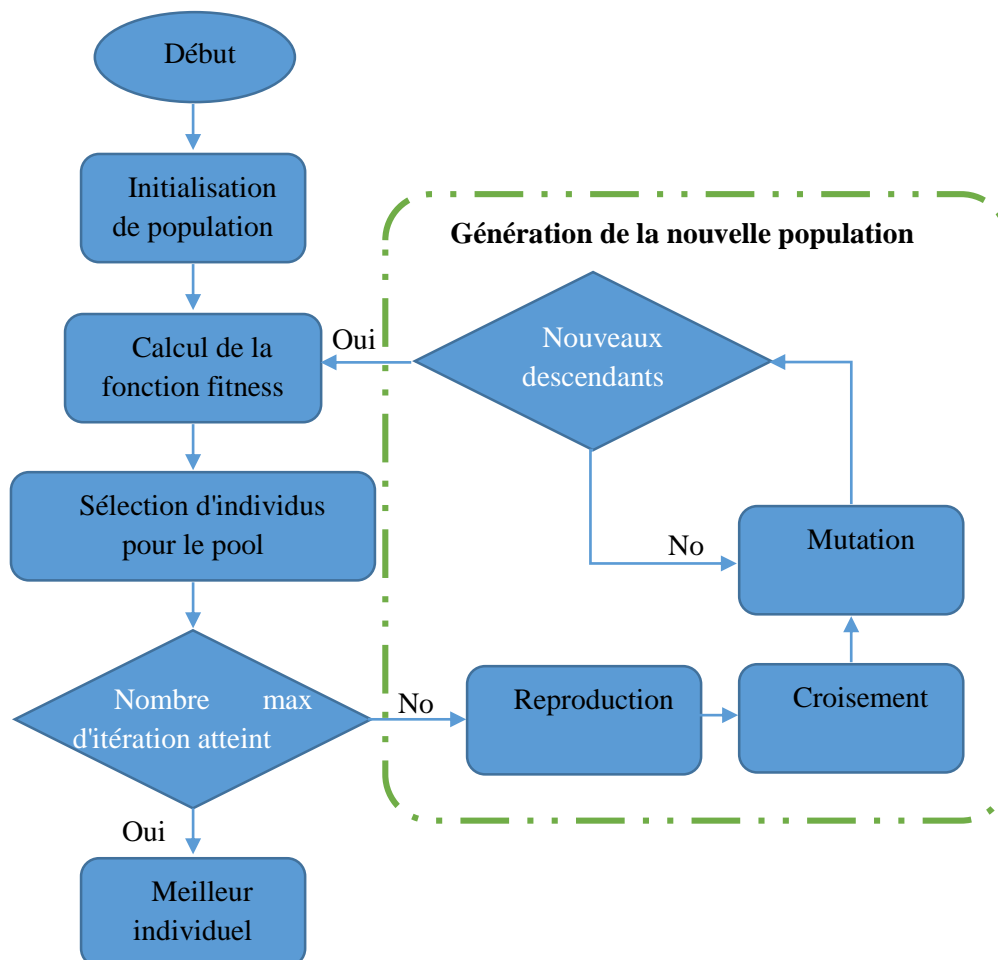


Figure 4.14. Schéma fonctionnel de l'algorithme génétique

#### 4.3.2.3. L'implémentation de l'algorithme GBKM

La capacité de recherche des AG a été utilisée dans notre problème de recherche afin de déterminer de manière appropriée un nombre  $K$  de centres de classe dans  $\mathbb{R}^N$ , ce qui permet de regrouper de manière adéquate l'ensemble des  $n$  points non étiquetés. La métrique de regroupement qui a été adoptée est la somme des distances euclidiennes des points par rapport

à leurs centres de classe respectifs. Mathématiquement, la métrique de regroupement  $M$  pour les  $K$  classes  $C_1, C_2, \dots, C_K$  est donnée par la formule suivante :

$$M(C_1, C_2, \dots, C_K) = \sum_{i=1}^K \sum_{x_j \in C_i} \|x_j - z_i\| \quad (4.9)$$

La tâche de l'AG est de rechercher les centres de classe appropriés  $z_1, z_2, \dots, z_K$  de sorte que la métrique de regroupement  $M$  soit minimisée.

Les étapes de base des GA, qui sont illustrées dans la figure précédente, sont également suivies dans l'algorithme GA-clustering. Nous allons maintenant les décrire en détail.

**a. Codage**

Chaque solution potentielle ou chromosome a été spécifiée comme une séquence de nombres réels de longueur  $N \times K$ , où  $N$  est le nombre d'échantillons dans un essai unique et  $K$  le nombre de classes. Les  $N$  positions (ou, gènes) représentent les  $N$  dimensions du premier centre de classe, les  $N$  positions suivantes représentent celles du deuxième centre de classe, et ainsi de suite. Ainsi, un chromosome représente un ensemble de  $K$  centres de classe concaténés ensemble.

*Exemple 1.* Soit  $N = 2$  et  $K = 3$ , c'est-à-dire que l'espace est bidimensionnel et que le nombre de clusters considérés est de trois. Alors le chromosome est le suivant :

Gène 1	Gène 2	Gène 3	Gène 4	Gène 5	Gène 6
54,4	33,2	75,6	62,8	91,3	18,9
le 1 <sup>er</sup> centre de classe		le 2 <sup>ème</sup> centre de classe		le 3 <sup>ème</sup> centre de classe	

**b. Initialisation de la population**

Les  $K$  centres de classes codés dans chaque chromosome sont initialisés à  $K$  points choisis aléatoirement dans l'ensemble de données. Ce processus est répété pour chacun des  $P$  chromosomes de la population, où  $P$  est la taille de la population. La population initiale a été générée en choisissant 20 chromosomes ( $P = 20$ ).

**c. Calcul du fitness**

Le processus de calcul de fitness se compose en deux phases. Dans la première phase, les clusters sont formés en fonction des centres codés dans le chromosome considéré. Ceci est fait en assignant à chaque point  $x_i, i = 1, 2, \dots, n$ , à l'un des clusters  $C_j$  avec le centre  $z_j$  tel que :

$$\|x_i - z_j\| < \|x_i - z_p\|, p = 1, 2, \dots, K, \text{ and } p \neq j \quad (4.10)$$

Toutes les égalités sont résolues de manière arbitraire. Une fois le regroupement effectué, les centres des clusters codés dans le chromosome sont remplacés par les points moyens des clusters respectifs. En d'autres termes, pour le cluster  $C_i$ , le nouveau centre  $z_i^*$  est calculé comme suit :

$$z_i^* = \frac{1}{n_i} \sum_{x_j \in C_i} x_j, \quad i = 1, 2, \dots, K. \quad (4.11)$$

Ces  $z_i^*$  remplacent maintenant les  $z_i$  précédents dans le chromosome. Ensuite, la métrique de regroupement  $M$  est calculée comme suit :

$$M = \sum_{i=1}^K M_i, \quad (4.12)$$

$$M_i = \sum_{x_j \in C_i} \|x_j - z_i\| \quad (4.13)$$

La fonction de fitness est définie comme  $f = 1/M$ , de sorte que la maximisation de la fonction de fitness entraîne la minimisation de  $M$ .

#### d. Sélection

Cet opérateur est peut-être le plus important puisqu'il permet aux individus d'une population de survivre, de se reproduire ou de se supprimer. On trouve essentiellement quatre types de méthodes de sélection différentes :

- La méthode de la "loterie biaisée" (roulette wheel) de Goldberg,
- La méthode "élitiste",
- La sélection par tournois,
- La sélection universelle stochastique.

Pour sélectionner les chromosomes qui survivent à la génération suivante, nous avons utilisé la sélection par roulette qui est une stratégie de sélection proportionnelle. Il s'agit d'une méthode de sélection populaire utilisée dans une AG. Une roulette est construite à partir de la fitness

relative (rapport entre la fitness individuelle et la fitness totale) de chaque individu. La formule suivante en est la démonstration :

$$Pr_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^N f_j} \quad (4.14)$$

Où  $Pr_i$  est la probabilité de sélection du chromosome  $i$ ,  $F_i$  est la fitness du chromosome  $i$  et  $N$  est le nombre total d'individus dans la population.

Elle est représentée sous la forme d'un diagramme circulaire où la surface occupée par chaque individu sur la roulette est proportionnelle à sa fitness relative. Ainsi, la probabilité de sélectionner un individu potentiel dépend de sa valeur d'aptitude par rapport aux autres. L'illustration suivante **Figure 4.15.** montre que la probabilité de sélectionner chacun d'entre eux dépend de la place qu'il occupe dans le diagramme circulaire. On se basant sur ce principe, un chromosome est répliqué un certain nombre de fois en fonction de son aptitude, et ces chromosomes sont ensuite placés dans un pool d'accouplement sur lequel d'autres opérations génétiques peuvent être appliquées.

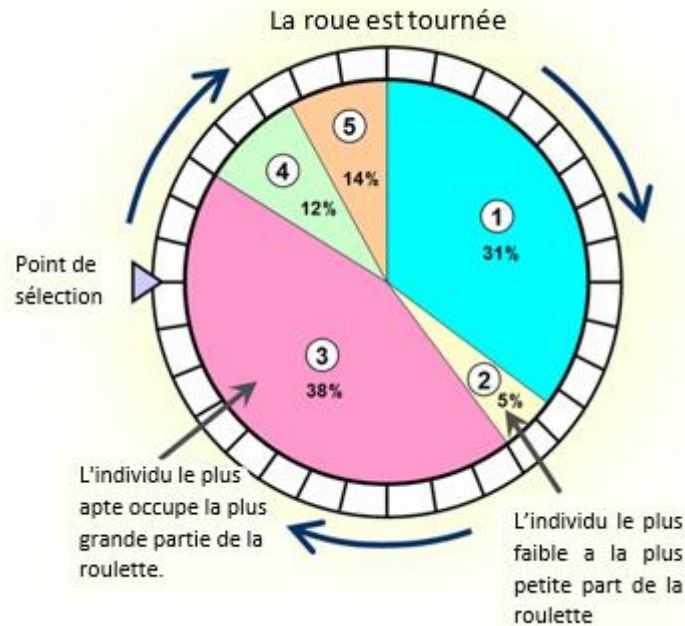


Figure 4.15. Diagramme scientifique de la méthode de sélection de la roulette. [136]

On se basant sur ce principe, un chromosome est répliqué un certain nombre de fois en fonction de son aptitude, et ces chromosomes sont ensuite placés dans un pool d'accouplement sur lequel d'autres opérations génétiques peuvent être appliquées.

### e. Croisement

Le croisement est un processus probabiliste qui échange des informations entre deux chromosomes parents pour générer deux chromosomes enfants. Les types de croisement sont répartis en fonction de la zone de croisement qui est généralement choisie au hasard dans les chromosomes. Il existe trois types de croisement :

- Croisement en un point,
- Croisement en deux points,
- Croisement uniforme.

Dans ce travail, le croisement à point unique a été utilisé avec une probabilité de croisement fixe de  $\mu_c$ . Nous avons utilisé une fraction de croisement de 0,8, pour indiquer la fraction du contenu chromosomique à échanger entre les parents. Pour les chromosomes de longueur  $l$ , un nombre entier aléatoire, appelé point de croisement, est généré dans l'intervalle  $[1, l - 1]$ . Les parties des chromosomes situées à droite du point de croisement sont échangées pour produire deux descendants comme nous le montre la figure suivante :

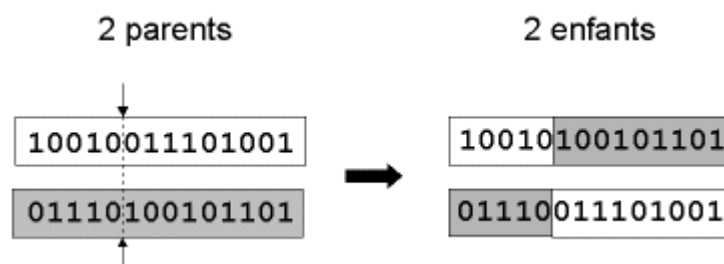


Figure 4.16. Fonctionnement de l'opérateur de croisement à un point.

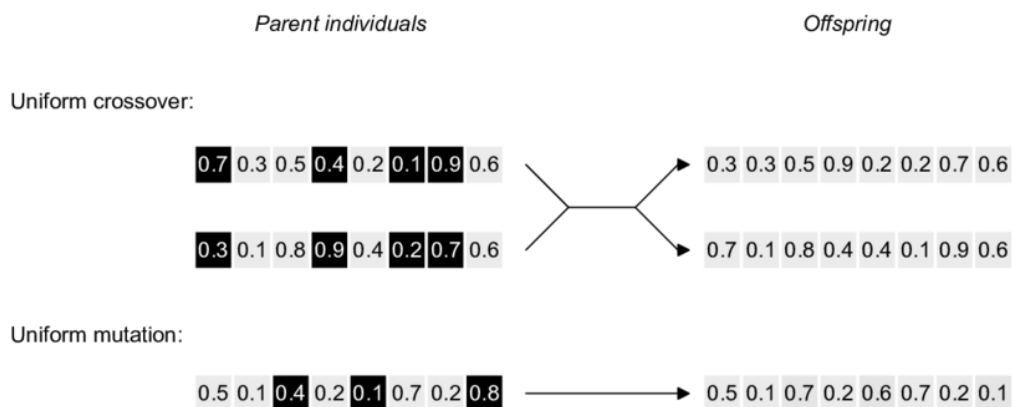
### f. Mutation

L'opérateur de mutation intervient généralement après l'application de l'une des techniques de croisement aux chromosomes parents choisis. La mutation est un processus aléatoire où un allèle d'un gène est remplacé par un autre pour produire une nouvelle structure génétique. Dans les AG, la mutation est appliquée de manière aléatoire avec une faible probabilité  $\mu_m$ , généralement comprise entre 0,001 et 0,01, et modifie les éléments des chromosomes [137].

Généralement considérée comme un opérateur d'arrière-plan, le rôle de la mutation est de changer les gènes de la descendance et d'augmenter la diversité de la population. Ce processus permet aux GA de sortir des solutions locales ou sous-optimales pour éviter une convergence prématurée [138]. De plus, la mutation est souvent considéré comme une garantie que la

probabilité de rechercher une chaîne de caractères donnée ne sera jamais nulle et comme un filet de sécurité pour récupérer le bon matériel génétique qui pourrait être perdu par l'action de la sélection et du croisement [139].

Différents schémas de mutation ont été proposés dans la littérature [140]. Dans ce travail, nous avons utilisé un schéma de mutation uniforme. La mutation aléatoire (uniforme) [141] est un opérateur de mutation courant basé sur la distribution gaussienne, par lequel l'utilisateur spécifie une gamme de valeurs aléatoires uniformes pour remplacer la valeur du gène choisi. Plus précisément, une fraction des entrées de chaque chromosome est remplacée par un nombre aléatoire, choisi dans une distribution de probabilité uniforme dont l'étendue est fixée par l'étendue de l'indice de cette entrée dans la population. Le taux de mutation pour notre analyse a été fixé à 0,01. La **Figure 4.17.** montre une illustration des opérateurs de croisement uniforme et de mutation uniforme.



**Figure 4.17. Illustration des opérateurs de croisement uniforme et de mutation uniforme.** Les individus sont représentés par une chaîne de valeurs réelles. Les positions foncées (gènes) des individus parents sont celles qui seront échangées/mutées pour générer des individus descendants (offspring).

#### **g. Critère d'arrêt**

Pendant l'implémentation, les processus de calcul de la fitness, de sélection, de croisement et de mutation sont exécutés pendant un nombre maximal d'itérations (L'algorithme s'est arrêté après 200 générations). La meilleure chaîne vue jusqu'à la dernière génération fournit la solution au problème de regroupement. Nous avons implémenté l'élitisme à chaque génération en préservant la meilleure chaîne vue jusqu'à cette génération dans un emplacement hors de la

population. Ainsi, à la fin du processus, cet emplacement contient les centres des clusters finaux qui sont ensuite transmis en entrée de l'algorithme K-moyennes pour l'initialiser.

La section suivante présente les résultats de la mise en œuvre de l'algorithme GBKM pour la sélection des régions d'intérêt pour les images saines et pathologiques (DMLA, OMD).

#### **4.3.2.4. Sélection de la région d'intérêt**

Le filtrage du fond et des sections indésirables de l'image entière est une étape importante pour aider les ophtalmologistes à analyser les régions importantes de l'image. Cette étape peut permettre aux pathologistes d'identifier les régions d'intérêt (ROI) et de réaliser un diagnostic plus ciblé en utilisant les ROI identifiées [142]. L'identification des régions d'intérêt est importante et bénéfique pour le traitement et l'analyse ultérieurs des images car elle agit comme un filtre qui ne transmet que les régions d'intérêt aux algorithmes utilisés, réduisant ainsi le temps consacré à l'analyse et au traitement des images [143]. La segmentation de l'image est une approche commune pour identifier les ROIs qui a été développée au cours des dernières années [144] ; [145] ; [146].

Dans notre cas, après avoir obtenu les centres initiaux pour l'algorithme k-moyennes à partir de l'algorithme génétique, l'algorithme k-moyennes optimisé a été utilisé pour obtenir l'ensemble final de ROIs pour les deux cas de maladie étudiés, à savoir le complexe HRC dans le cas de la DMLA et le complexe RNFL dans le cas de l'OMD.

##### **a. Segmentation du complexe HRC, détection des druses**

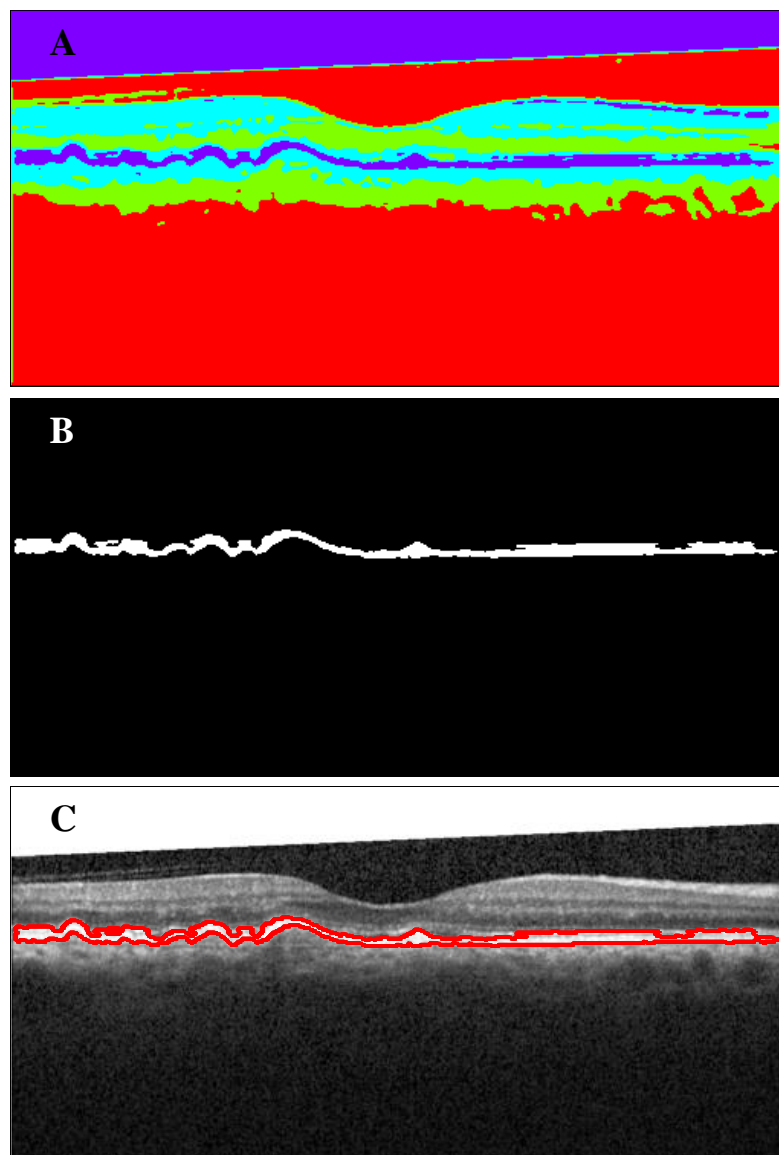
La DMLA affecte des millions de personnes et constitue l'une des principales causes de cécité dans le monde. L'idéal serait d'identifier les personnes atteintes à un stade précoce, avant que ne se développent des séquelles tardives telles qu'une atrophie de la rétine externe ou des membranes néo-vasculaires exsudatives, qui pourraient entraîner une perte visuelle irréversible. Une identification précoce pourrait permettre de classer les patients par stade et d'établir des intervalles de surveillance appropriés. La détermination exacte et précise des stades précoces de la DMLA pourrait également faciliter le développement de nouvelles thérapies préventives, notamment en utilisant des bio-marqueurs basés sur la tomographie par cohérence optique (OCT).

La forme précoce de la DMLA (c-à-d non exsudatives) a fait l'objet d'une évaluation approfondie pour de nombreux bio-marqueurs d'imagerie tel que : pseudo-druses réticulaire ou



les dépôts drusénoïdes sous-rétiens (SDD) [147] ; [148], foyers intra-rétiens hyper-réfléchissants et hypo-réfléchissants [149]. Il s'agit de certains des bio-marqueurs prometteurs qui semblent signaler un risque de progression globale de la DMLA [150]. Les SDD apparaissent généralement au-dessus de la surface interne de RPE, les druses hypo-réfléchissants sont généralement situés au-dessus de la surface de la membrane de Bruch/la choroïde, et des foyers hyper-réfléchissants peuvent apparaître dans plusieurs couches rétinienne externes différentes.

Comme les bio-marqueurs précoces de la DMLA ont tendance à être localisés dans des couches rétinienne spécifiques, nous avons utilisé notre algorithme optimisé de k-moyennes pour calculer un masque binaire qui ne contient que la région rétinienne qui s'étend de la bordure de l'IS/OS à la bordure de RPE/membrane de Bruch. Cette région rétinienne est celle qui représente le complexe HRC, comme le montre la figure suivante :

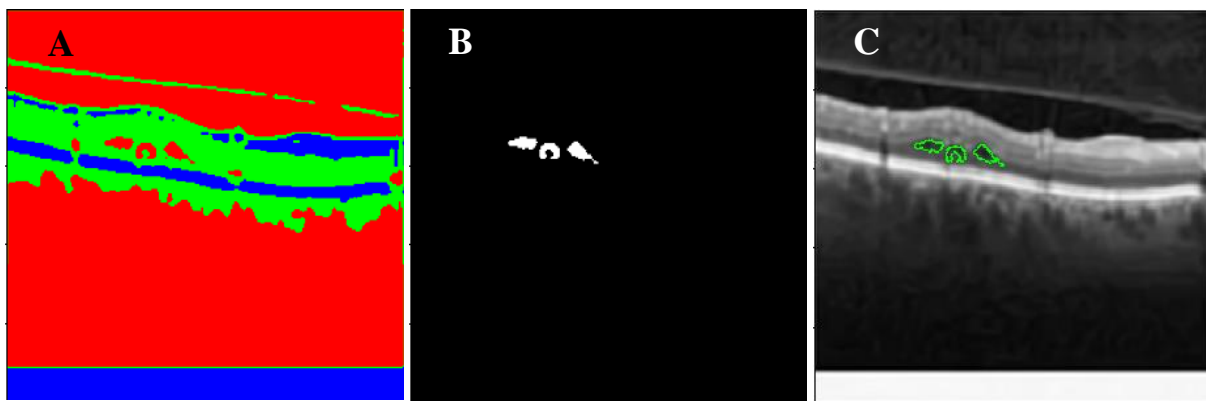


**Figure 4.18. Résultat final de détection de druses ; image (A) résultat de quatre classes par l'algorithme GBKM, image (B) le complexe HRC extrait et l'image (C) représente la superposition du complexe HRC sur l'image original**

**b. Segmentation du complexe RNFL, détection du fluide intra rétinien**

L'œdème maculaire est la principale caractéristique pathologique de la maculopathie diabétique. Selon l'ETDRS (Early Treatment Diabetic Retinopathy Study), il est défini comme tout épaissement rétinien détectable dû à une accumulation de liquide. Il peut être localisé dans un secteur de la région maculaire (focal) ou être diffus. Un œdème maculaire persistant entraîne la nécrose des cellules de Muller et la formation subséquente de cavités cystoïdes localisées principalement dans les couches rétinienne externe (fibre de Henle, plexiforme externe) et parfois aussi dans la couche plexiforme interne. À des stades plus avancés, les cavités peuvent fusionner au centre et former une grande cavité hypo réfléchissante qui explique l'augmentation significative de l'épaisseur de la fovéa. Par conséquent, à côté de l'augmentation de l'épaisseur maculaire, dans l'OMD, apparaissent : de grands espaces intra-rétiniens de réflectivité réduite, la perte de la structure rétinienne normale en couches et l'aplatissement de la dépression fovéale centrale. [151]

Donc, on peut constater que la désorganisation des couches internes de la rétine (DRIL) semble être un bio-marqueur prédictif et fiable pour le pronostic de l'OMD. La DRIL est définie comme l'incapacité à distinguer le complexe des couches : la couche de cellules ganglionnaires (GCC), la couche plexiforme interne (IPL), la couche nucléaire interne (INL) et la couche plexiforme externe (OPL) [152]. Alors, l'identification de l'OMD revient à l'extraction de toutes ces couches internes. Mais puisqu'il est difficile, plutôt impossible, de les différencier à cause de leur déstructuration, la détection de l'OMD est donc basé sur l'analyse de l'union de toutes ces couches. Dans ce cas, le ROI est déterminé comme étant le complexe RNFL qui fusionne les couches intra-rétiniennes comprenant : OPL, INL, IPL, GCC et la couche RNFL. À ce niveau, les bulles de liquide sont concentrées, ce qui représente les signes de la maculopathie diabétique et provoque l'œdème, comme le montre la figure suivante :



**Figure 4.19. Résultat final de détection de fluide intra rétinien; image (A) résultat de quatre classes par l’algorithme GBKM, image (B) le complexe RNFL extrait et l’image (C) représente la superposition du complexe RNFL sur l’image original.**

#### 4.3.3. Résultats et discussions

Dans cette section nous détaillons les différentes mesures effectuées afin de fournir une analyse statistique des performances de notre approche de segmentation des sujets atteints de DMLA et d’OMD.

L’algorithme de segmentation proposé a été testé sur une série d’images issues de la base de données *Srinivasan BOE\_2014 dataset*. À partir de cette base, nous avons sélectionné 1001 images :

- 148 images de patients atteints de DMLA à différents stades. Ainsi, ces images contenant des druses de taille et de nombre différents.
- 148 images de patients atteints d’OMD avec différents niveaux de gravité (Minime, Modéré, Sévères).
- Les 105 images restantes sont des images saines.

L’évaluation de la performance d’un algorithme de clustering n’est pas aussi triviale que dans le cas des algorithmes d’apprentissage supervisé, car ces derniers disposent de la vérité terrain pour évaluer la performance du modèle, ce qui n’est pas le cas pour les méthodes de clustering où les informations externes telles que les étiquettes de classe ne sont souvent pas disponibles dans de nombreux scénarios d’application. Par conséquent, dans cette situation, les mesures de validation internes et indirectes sont les seules options pour l’évaluation des clusters qui sont formés par l’algorithme proposé.

Nous commençons tout d'abord par les mesures de validation interne du clustering où les indices internes les plus utilisés sont calculés pour l'algorithme K-moyennes original et celui optimisé par les algorithmes génétiques. En utilisant ces indices, une étude comparative est réalisée entre les deux algorithmes afin d'affirmer que les problèmes de K- moyennes peuvent être surmontés et que la production de clusters globalement optimaux est garantie en utilisant l'algorithme génétique comme méthode d'optimisation. Alors que dans la deuxième étape, les mesures de validation indirecte du clustering sont appelées où les clusters résultant de l'algorithme GBKM sont utilisés comme caractéristiques pour une autre application qui est dans notre cas la classification pour mesurer la différence de performance de la deuxième application. De cette façon, nous avons quantifié l'efficacité et la capacité de l'algorithme GBKM à créer les bonnes ROIs à travers les mesures de performance de la classification. Ce protocole de validation sera développé dans les sous-sections suivantes.

#### **4.3.3.1. Mesures de validation interne du clustering**

Comme nous l'avons exposé précédemment, le but de cette étape est de révéler l'efficacité et la robustesse des algorithmes génétiques pour surmonter la majorité des problèmes présentés par la méthode traditionnelle des k-moyennes en ce qui concerne sa sensibilité aux conditions initiales qui ne menaient pas à la production de clusters globaux optimaux. Autrement, les résultats du partitionnement dépendent fortement des points centraux de départ qui sont (habituellement) initialisés de manière aléatoire. Par conséquent, l'algorithme est susceptible de converger vers un optimum local.

Comme solution, nous avons proposé d'intégrer la simplicité de l'algorithme K-moyennes avec la capacité des AGs à éviter les optima locaux pour affiner l'algorithme naïf de K-moyennes. L'idée principale est que la capacité de recherche des AGs est exploitée afin de déterminer des centres de clusters appropriés dans l'espace des caractéristiques de sorte qu'une métrique de similarité des clusters résultants soit optimisée.

Pour évaluer les performances de la solution proposée, une comparaison a été faite entre la nouvelle méthode et le k-moyennes original sur la même image de la base de données sélectionnée. Il est connu que le k-moyennes ne produit pas un optimum global. Par conséquent, l'algorithme k-moyennes est exécuté plusieurs fois afin d'obtenir des résultats qui sont au moins proches de l'optimum global. Dans ce travail, le nombre d'exécutions est fixé à la taille de la population de l'algorithme génétique, qui est de 10. Pour des raisons de démonstration, chaque

étape d'exécution est faite avec un nombre de cluster différent compris entre 2 et 7, tout en gardant le même nombre d'itération à 100 pour les deux algorithmes.

La qualité du partitionnement est mesurée pour les deux algorithmes en utilisant deux critères d'évaluation interne en raison de l'adéquation de cette technique pour les données sans étiquette de classe. L'indice de Davies-Bouldin valide à la fois la similarité intra-classe et la dissimilarité inter-classes. Sinon, l'indice de la somme des erreurs quadratiques intra-clusters valide la distance à l'intérieur des clusters. Ces deux indices peuvent être définis comme suit :

**a. La somme des erreurs quadratiques intra-clusters WCSS (within-cluster sum of square errors) :**

WCSS est la fonction objective du k-moyennes original. Elle peut être utilisée comme une mesure de la variabilité des points de données au sein de chaque cluster. La somme des carrés à l'intérieur des clusters est définie comme suit : [153]

$$WCSS = \sum_{i=1}^K \sum_{j \in C_i} \|x_j - c_i\|^2 \quad (4.14)$$

On désigne par  $k$  le nombre de clusters,  $\{c_i, i \in [1 \dots K]\}$  comme centres de cluster, et  $\{C_i, i \in [1 \dots K]\}$  comme les  $k$  clusters (chaque cluster est constitué de nombreux points de données) ; où  $\|x_j - c_i\|^2$  est la distance euclidienne au carré entre le point de données  $x_j$  et le centre  $c_i$ .

En général, plus le WCSS est petit, plus le cluster obtenu est compact (grande similarité). Il est souvent utilisé comme référence de recherche pour déterminer les clusters optimaux. Une meilleure solution aura une valeur WCSS plus petite.

**b. Indice Davies ET Bouldin (DB index)**

Le score DB est défini comme la mesure de similarité moyenne de chaque cluster avec son cluster le plus similaire, où la similarité est le rapport entre les distances à l'intérieur des clusters et les distances entre les clusters. Ainsi, les clusters les plus éloignés et les moins dispersés obtiendront un meilleur score. En d'autres termes, plus la similarité moyenne est faible, mieux les clusters sont séparés et meilleur est le résultat du clustering effectué. Par conséquent, les valeurs les plus faibles de  $DB(k)$  indiquent un meilleur clustering. L'indice DB est calculé comme suit : [154]

$$DB(k) = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k \max_{i \neq j} \left( \frac{\delta_i + \delta_j}{d_{ij}} \right) \quad (4.15)$$

Où :

- $k$  est le nombre de clusters,
- $i, j$  sont respectivement l' $i^{\text{ème}}$  et le  $j^{\text{ème}}$  cluster,
- $d_{ij}$  est la distance entre les centres  $c_i$  et  $c_j$ ,
- $\delta_i$  et  $\delta_j$  sont la mesure de dispersion d'un cluster  $C_i$  et  $C_j$ , respectivement. Par exemple,  $\delta_i$  est l'écart type de la distance entre les points de données du cluster  $C_i$  et le centre de ce cluster  $c_i$ .

Le résultat moyen de 20 exécutions pour chaque  $k$  est représenté dans le **Tableau 4.3.** suivant :

**Tableau 4.3. Somme des erreurs carrées à l'intérieur du cluster et indice DB du résultat de clustering produit par GBKM et k moyens.**

<i>Nombre de clusters k</i>	<i>WCSS</i>		<i>DB index</i>	
	GBKM	K-moyennes	GBKM	K-moyennes
<b>2</b>	2142,6	2972,648	0,0875	0,106
<b>3</b>	739,9756	1309,193	0,0537	0,0452
<b>4</b>	458,14908	687,2127	0,0373	0,0378
<b>5</b>	300,75478	423,0856	0,0302	0,0351
<b>6</b>	221,56649	299,3583	0,0261	0,0317
<b>7</b>	177,1686	217,6037	0,0261	0,0277

Le **Tableau 4.3.** montre que GBKM surpasse k-moyennes dans tous les jeux de données. Le WCSS montre que notre méthode peut facilement atteindre les optima globaux alors que k-moyennes produit des solutions sous-optimales la plupart du temps. Cela est dû au fait qu'à chaque génération, l'algorithme génétique sélectionne la solution la plus adaptée qui contient les centres de clusters les plus qualifiés. En d'autres termes, chaque fois que l'algorithme génétique maximise la fonction d'aptitude, le WCSS est minimisé, car la fonction d'aptitude pour chaque solution chromosomique est calculée comme  $1/WCSS$ , ce qui permet à

l'algorithme d'être capable d'estimer l'optimum global. Nous pouvons également conclure qu'après une seule exécution, le GBKM converge plus rapidement que l'algorithme K-moyennes en raison de l'initialisation appropriée des centroïdes obtenus par l'algorithme génétique.

L'indice DB moyen montre également que GBKM est beaucoup plus stable que k-moyennes. Ceci est expliqué par la façon dont il est défini, comme une fonction du rapport entre la dispersion au sein du cluster et la séparation entre les clusters, une valeur plus faible signifiant que le clustering est meilleur. Cela confirme l'idée qu'aucun cluster ne doit être similaire à un autre, et donc que le meilleur schéma de clustering minimise essentiellement l'indice de Davies-Bouldin. Il est donc prouvé que l'algorithme de clustering GBKM est le meilleur algorithme pour produire une bonne structure de cluster.

Cette étude comparative a également permis de confirmer le choix du nombre de clusters à utiliser dans le clustering en utilisant la méthode du coude (**Elbow method**) qui, en principe, observe la diminution la plus drastique de deux critères (WCSS et DB index) qui forme l'angle du coude, les résultats d'évaluation de la détermination du meilleur nombre de clusters dans cette étude sont présentés dans la **Figure 4.20** et **Figure 4.21**.

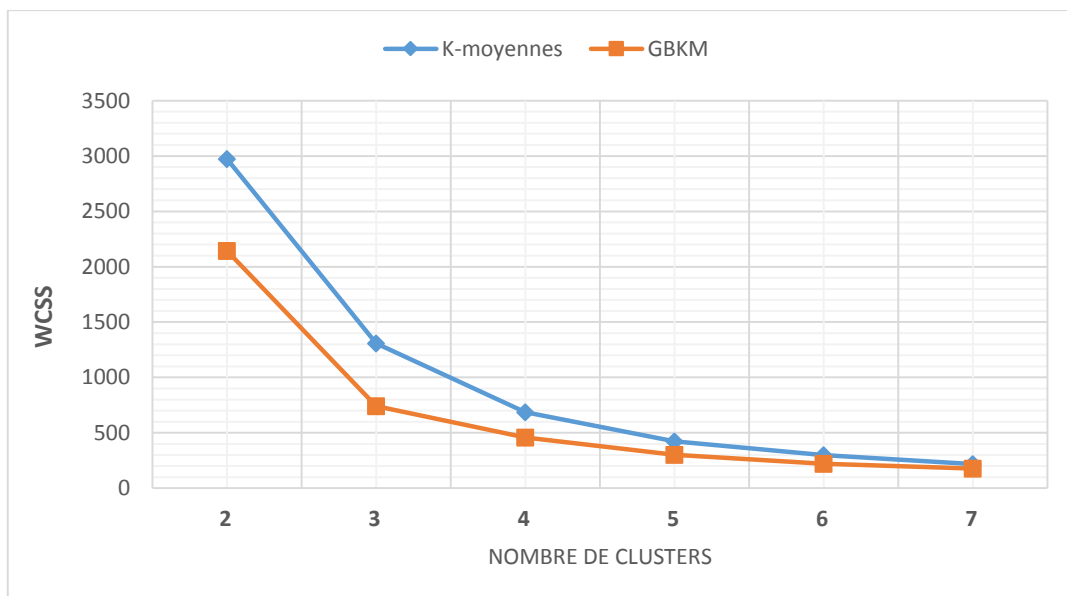


Figure 4.20. Méthode du coude pour la sélection des k clusters optimaux en utilisant le critère WCSS

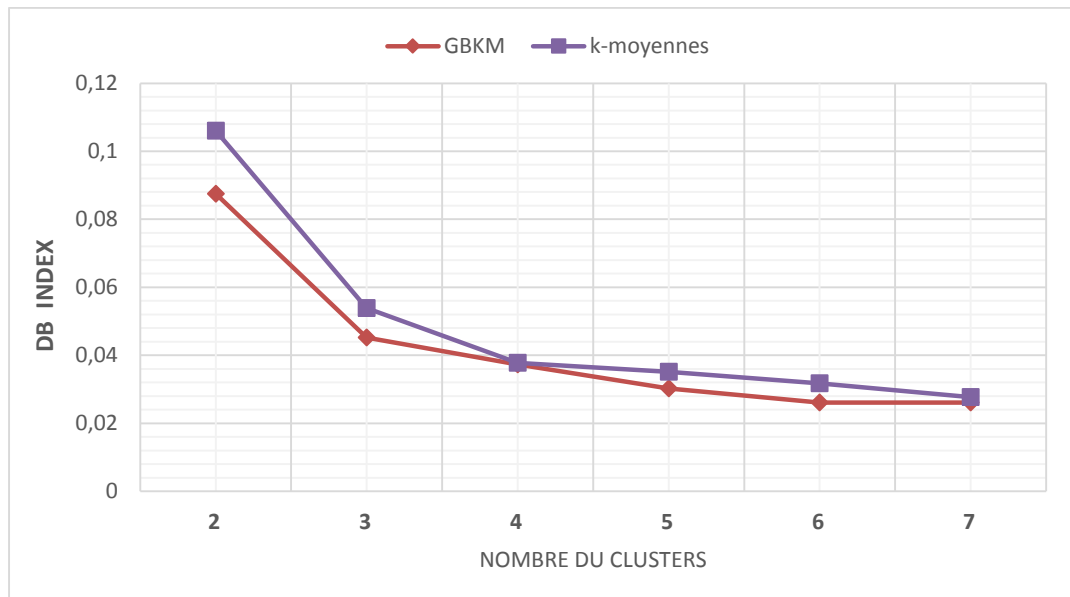


Figure 4.21. Elbow method for selection of optimal k clusters using Davies–Bouldin index

Lorsque nous analysons les deux graphiques, nous pouvons voir que chaque graphique change rapidement en un point, créant ainsi une forme de coude. A partir de ce point, le graphe marginal va chuter de façon remarquable et il commence à se déplacer presque parallèlement à l'axe des  $X$ . La valeur  $K$  correspondant à ce point est la valeur  $K$  optimale ou un nombre optimal de clusters qui est égale à 4 ( $k = 4$ ).

#### 4.3.3.2. Mesures de validation indirecte du clustering

L'idée de base de la validation indirecte est l'évaluation de l'utilité du clustering dans son application prévue, car dans ce cas le clustering ne représente pas la tâche principale, mais il est utilisé pour accomplir une autre tâche. De cette manière, il n'y a pas d'évaluation explicite de la qualité des clusters, mais il s'agit plutôt d'évaluer la contribution des clusters à une application particulière. En d'autres termes, ce type de validation nous permet donc de bénéficier d'un système de référence auquel les résultats du clustering de l'algorithme GBKM sont évalués en fonction de la performance de la tâche primaire. Cette tâche est représentée dans notre cas par la classification où les ROIs extraits incluant les complexes de couches HRC et RNFL sont utilisés pour déterminer les caractéristiques informatives permettant de classifier les patients diagnostiqués avec AMD et DME respectivement. Cette classification est enfin évaluée à l'aide des rapports qui sont souvent utilisés dans la littérature. Le choix de ces rapports facilitera grandement la comparaison de nos travaux avec ceux de la littérature qui ont utilisé les mêmes critères d'évaluation. Et de cette façon nous allons mieux confirmer la fiabilité de l'algorithme GBKM dans l'extraction exacte de ROIs pour les deux cas de maladies. La



procédure de classification et ses mesures de performance sont détaillées dans les paragraphes suivants.

**a. Processus d'extraction de caractéristiques**

L'extraction de caractéristiques fait référence au processus de transformation des parties intéressantes d'une image en un vecteur de caractéristiques numériques destiné à être informatif et non redondant, facilitant les étapes ultérieures d'apprentissage et de classification et, dans certains cas, conduisant à de meilleures interprétations humaines.

Dans notre travail de thèse, nous pouvons effectuer la classification d'images de DMLA et d'OMD en utilisant l'extraction de caractéristiques à partir des régions d'intérêt déterminées, y compris les complexes de couches HRC et RNFL. Ces régions d'intérêt comprennent la majorité des signes anatomiques qui sont observés dans ces deux maladies rétinienne. Ces signes incluent des anomalies de la rétine, de l'épaisseur de ses couches et de sa réflectivité [21, 22], comme la modification significative du pigment de la macula au stade précoce de la DMLA sèche. Et pour l'OMD, elle se présente comme une hypo-réflectivité liée à la présence des kystes intra-rétiens.

Par conséquent, les caractéristiques de texture et d'intensité sont exploitées pour identifier les attributs. Dans le domaine du traitement des images, la texture peut être définie comme une fonction de la variation spatiale de l'intensité de la luminosité des pixels [155]. La texture est le principal terme utilisé pour définir les objets ou les composants d'une image donnée [156]. L'analyse de texture joue un rôle important dans des différentes applications telles que la reconnaissance d'objets, la détection de défauts de surface, la reconnaissance de formes, l'analyse d'images médicales, etc. La méthode la plus couramment utilisée pour l'analyse de texture est basée sur l'extraction de diverses caractéristiques texturales d'une matrice de cooccurrence des niveaux de gris (GLCM) [157].

Le GLCM est une méthode d'analyse statistique de texture de second ordre. Elle examine la relation spatiale entre les pixels et définit la fréquence d'apparition de différentes combinaisons de valeurs de luminosité des pixels (niveaux de gris) dans une image selon une direction  $\theta$  et une distance  $d$  données [158]. Pour une meilleure compréhension, nous examinons brièvement ci-dessous comment le GLCM est construit la **Figure 4.20**. La **Figure 4.20. (A)** représente une image d'entrée de dimension  $4 \times 4$ , la **Figure 4.20. (B)** représente la GLCM de l'image

d'entrée où le niveau de gris  $i$ , suivi de  $j$  avec la fréquence d'occurrence de la paire  $(i, j)$  avec  $d = 1$  et  $\theta = 0^\circ$  et la **Figure 4.22.** (C) représente la forme normalisée de la GLCM.

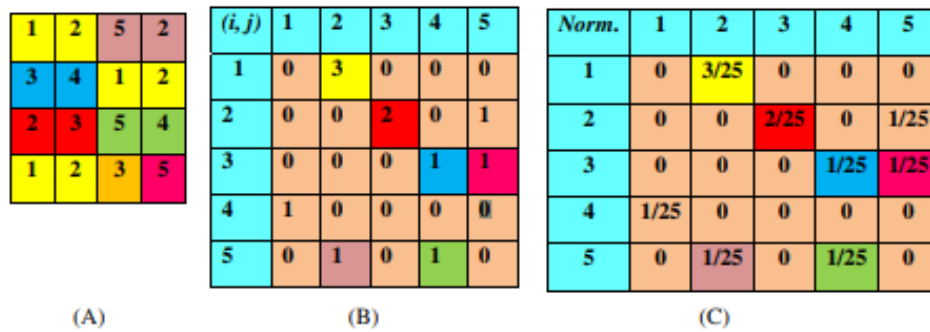


Figure 4.22. Un exemple de formation du GLCM.

Le GLCM de l'image d'entrée est généralement calculé selon quatre directions différentes et à quatre distances différentes le long du pixel d'itérés. Ces différentes directions sont des angles d'orientation, c'est-à-dire  $0^\circ$ ,  $45^\circ$ ,  $90^\circ$ , et  $135^\circ$  à la distance  $d = 1, d = 2, d = 3, et d = 4$ , respectivement. La figure 2 montre la direction d'orientation pour le pixel d'itérés.

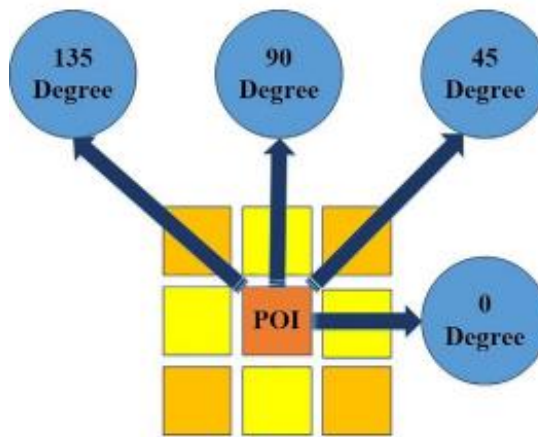


Figure 4.23. Les quatre directions dans le GLCM.

La combinaison des décalages d'orientation avec les distances est présentée dans le **Tableau 4.4.**

Tableau 4.4. Combinaison des décalages d'orientation avec les distances.

Angle	combinaison de décalages	d=1	d=2	d=3	d=4
$0^\circ$	$[0, d]$	$[0,1]$	$[0,2]$	$[0,3]$	$0,4]$

<b>45°</b>	$[-d, d]$	$[-1, 1]$	$[-2, 2]$	$[-3, 3]$	$[-4, 4]$
<b>90°</b>	$[-d, 0]$	$[-1, 0]$	$[-2, 0]$	$[-3, 0]$	$[-4, 0]$
<b>135°</b>	$[-d, -d]$	$[-1, -1]$	$[-2, -2]$	$[-3, -3]$	$[-4, -4]$

Dans ce travail, les matrices de cooccurrence sont calculées à partir de toutes les images ROI pour extraire quatre caractéristiques texturales, notamment : le contraste, l'énergie, la corrélation et l'homogénéité. Ces propriétés statistiques ont été introduites par Haralick et al [158] dont les équations sont les suivantes :

- **Contraste (CON)** : Le contraste mesure la fréquence spatiale d'une image et constitue un moment différent de la GLCM. Il s'agit de la différence entre les valeurs les plus élevées et les plus basses d'un ensemble adjacent de pixels. La texture du contraste mesure les variations locales présentes dans l'image. Une image à faible contraste présente un terme de concentration GLCM autour de la diagonale principale et se caractérise par de faibles fréquences spatiales. La mesure de contraste d'une image est définie dans l'équation (4.16) comme suit : [159]

$$CON = \sum_{i=0}^{M-1} \sum_{j=0}^{N-1} |i - j|^2 p(i, j) \quad (4.16)$$

Où,  $p(i, j)$  est le coefficient de la matrice de cooccurrence normalisée ;

- **Second Moment Angulaire (ASM)** : est également connu sous le nom d'uniformité ou d'énergie. Il mesure l'uniformité texturale, c'est-à-dire les répétitions dans la paire de pixels. Il détecte les désordres dans les textures des images. La valeur maximale atteinte par le second moment angulaire est de un. Des valeurs plus élevées sont obtenues lorsque la distribution des niveaux de gris a une forme périodique constante. La caractéristique d'énergie d'une image est définie par l'équation (4.17) suivante : [160]

$$ASM = \sum_{i=0}^{M-1} \sum_{j=0}^{N-1} p(i, j)^2 \quad (4.17)$$

- **Homogénéité (HOM)** : Cette mesure statistique est également appelée moment de différence inverse. Elle mesure l'homogénéité dans l'image où elle prend des valeurs plus grandes pour de plus petites différences de niveaux de gris au sein d'éléments de paires. L'homogénéité est plus sensible à la présence d'éléments proches de la diagonale

dans le GLCM. La valeur de l'homogénéité est maximale lorsque les éléments de l'image sont identiques. Le contraste et l'homogénéité du GLCM sont très liés, mais inversement corrélé, ce qui signifie que l'homogénéité diminue lorsque le contraste augmente alors que l'énergie reste constante. Son équation (4.18) est définie comme suit:

$$HOM = \sum_{i=0}^{M-1} \sum_{j=0}^{N-1} \frac{p(i,j)}{1 + (i - j)^2} \quad (4.18)$$

- **Corrélation** : La corrélation mesure la dépendance linéaire des niveaux de gris de pixels voisins. La corrélation d'images numériques est une méthode optique qui utilise des techniques de suivi et d'enregistrement d'images pour mesurer précisément les changements en 2D et 3D dans les images. Elle est souvent utilisée pour mesurer la déformation, le déplacement et la contrainte, mais elle est largement appliquée dans de nombreux domaines de la science et de l'ingénierie. Cette caractéristique texturale est calculée à l'aide de l'équation suivante (4.19) : [161]

$$CORR = \frac{\sum_{i=0}^{M-1} \sum_{j=0}^{N-1} (i,j) p(i,j) - \mu_x \mu_y}{\sigma_x \sigma_y} \quad (4.19)$$

Où  $\mu_x$  et  $\mu_y$  sont la moyenne de  $p_x$  et  $p_y$ , respectivement ;  $\sigma_x$  et  $\sigma_y$  sont l'écart type de  $p_x$  et  $p_y$ , respectivement.

#### **b. Classification**

Nous avons utilisé les méthodes d'analyse de texture pour extraire les caractéristiques de chaque images du base de données, l'étape suivante consiste à classer les images OCT à l'aide de divers classifieurs tels que Support vector machine (SVM), K-Nest Neighbor (KNN), Decision trees (DT), Naïve Bayes (NB) et Discriminant Analysis (DA). L'objectif est de réaliser une étude comparative entre ces classifieurs afin de trouver le plus précis pour identifier les pathologies de la DMLA et de l'OMD et les cas sains. Avant de présenter les résultats de classification obtenus, une brève description de ces classifieurs est donnée ci-dessous.

- **Support vector machine (SVM)**

La machines à vecteurs de support est un algorithme d'apprentissage automatique supervisé théoriquement puissants [162] qui permet de résoudre aussi bien des problèmes de classification que de régression ou de détection d'anomalies. Comme le montre la **Figure 4.22.** ci-dessous, le

principe fondamental du SVM consiste à créer un hyperplan optimal, également appelé frontière de décision ou frontière optimale, qui maximise la distance entre les échantillons les plus proches (vecteurs de support) du plan et sépare efficacement les classes. Cette distance est aussi appelée **marge** et les SVMs sont ainsi qualifiés de **séparateurs à vaste marge**.

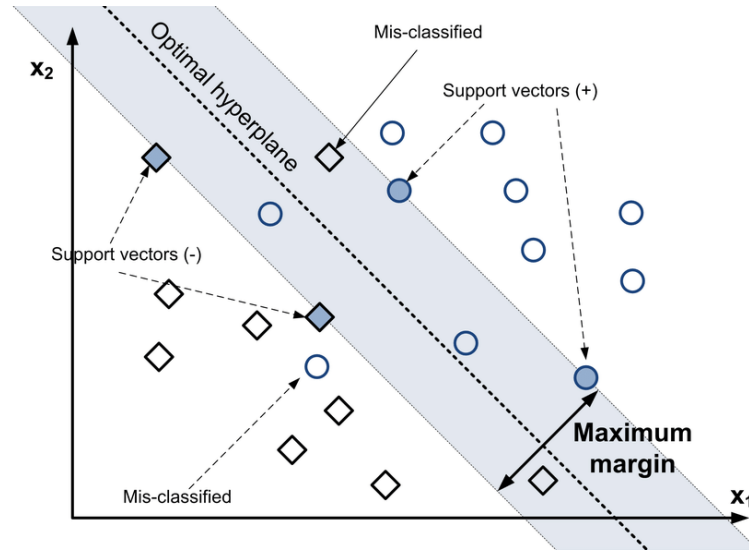


Figure 4.24. Classification des données par une machine à vecteurs de support (SVM).

Le modèle cherche à trouver l'hyperplan de séparation optimal entre les classes en se concentrant sur les cas d'apprentissage qui se trouvent à la limite des distributions de classes, les vecteurs de support, les autres cas d'apprentissage étant effectivement rejetés [163]. Par conséquent, l'approche peut donner une grande précision avec de petits ensembles de données d'apprentissage qui réduisent les coûts d'acquisition de données d'apprentissage, ce qui est considéré comme l'un des avantages de l'utilisation de l'algorithme. La base de l'approche SVM de la classification est donc la notion que seuls les échantillons d'apprentissage qui se trouvent sur les limites de la classe sont nécessaires pour séparer les classes [164]. L'hyperplan optimal obtenu doit satisfaire aux deux équations suivantes :

$$\begin{cases} wx_i + b \geq +1 & y_i = +1 \\ wx_i + b \leq -1 & y_i = -1 \end{cases} \quad (4.20)$$

Où  $w$  est la norme au plan optimal,  $x$  est la donnée d'apprentissage (points) sur l'hyperplan,  $b$  représente le biais,  $y_i$  est la donnée/classe étiquetée.

L'objectif de l'apprentissage SVM est de maximiser la marge  $\frac{2}{\|w\|}$ , ce qui est équivalent à minimiser  $\|w\|$ . Le problème d'optimisation est formulé comme suit [165] :

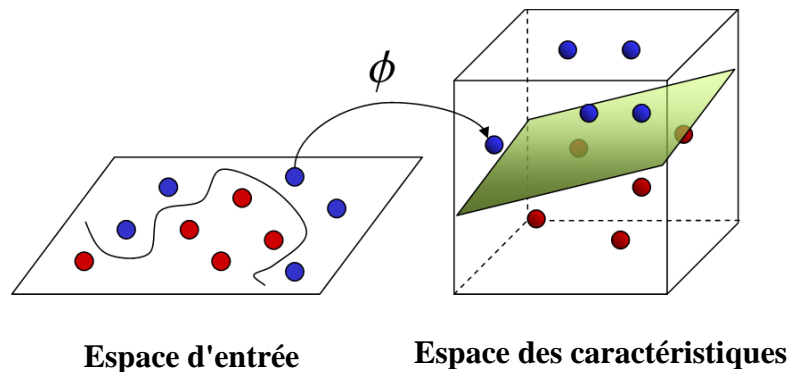
$$\min_{w,b,\varepsilon} \frac{1}{2} w^T w + C \sum_{i=1}^l \varepsilon_i \quad (4.21)$$

Avec :  $\varepsilon_i$  le degré d'erreur de classification et  $C$  est le paramètre de pénalité de l'erreur.

Cette notion de frontière suppose que les données soient linéairement séparables, ce qui est rarement le cas. Pour y pallier, les SVMs reposent souvent sur l'utilisation des noyaux (**kernels**). Ces fonctions mathématiques permettent de séparer les données en les projetant dans un feature space (un espace vectoriel de plus grande dimension) Avec une sélection appropriée de la fonction noyau, le problème de classification devient linéairement séparable dans le nouvel espace de dimension supérieure, comme le décrit la fonction suivante :

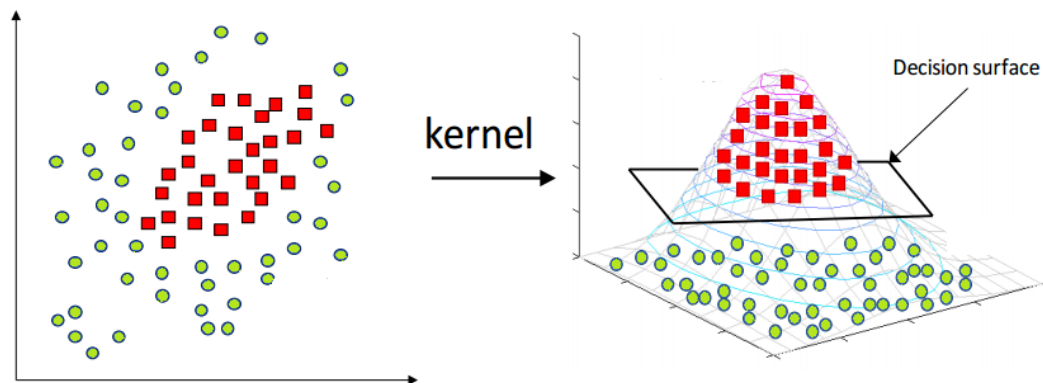
$$\begin{cases} y_i(w^T \phi(x_i) + b) & \geq 1 - \varepsilon_i \\ \varepsilon_i & \geq 0 \end{cases} \quad (4.22)$$

La fonction  $\phi(x_i)$  représente un mappage non linéaire, qui fait correspondre le vecteur d'entrée  $x$  à un espace de dimension supérieure.



En pratique, quelques familles de fonctions noyaux paramétrables sont connues et il appartient à l'utilisateur d'effectuer des tests pour déterminer celle qui est la mieux adaptée à son application. On peut citer les exemples de noyaux suivants : polynomial, gaussien, sigmoïde et laplacien. Le noyau de fonction de base radiale (RBF) est le plus efficace et le plus utilisé en svm. Il est généralement choisi pour les données non linéaires. Le noyau RBF est utilisé lorsque les frontières sont supposées être en forme de courbe. Il aide à faire une séparation correcte

lorsqu'il n'y a pas de connaissance préalable des données. Et de ce fait nous l'avons adopté pour notre travail.



**Figure 4.26. Noyau appliqué aux SVM dans le cas de données non linéairement séparables.**

- **K-Nearest Neighbor (KNN)**

L'algorithme des k-plus-proches-voisins (KNN) est l'un des algorithmes d'apprentissage supervisé les plus simples qui peut être utilisé pour résoudre les problèmes de classification (le plus souvent) et de régression prédictive. Il s'agit d'un algorithme polyvalent également utilisé pour l'imputation des valeurs manquantes et le ré-échantillonnage des ensembles de données. Comme son nom l'indique (K Nearest Neighbor), il prend en compte les **K** plus proches voisins (points de données) pour prédire la classe ou la valeur continue du nouveau point de données. Son principe de base est de rechercher dans l'ensemble des données d'apprentissage les K instances (voisins) les plus similaires au point de données à tester, puis de le classer par un vote majoritaire de ses voisins, c'est-à-dire que le nouveau point de données est affecté à la classe la plus commune parmi ses k plus proches voisins figure.

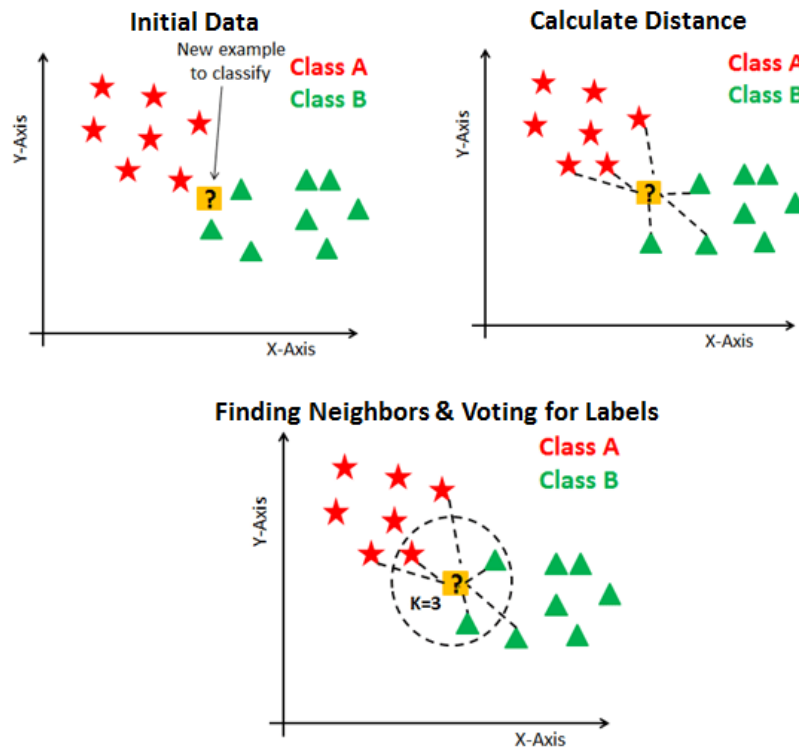


Figure 4.27. Principe de fonctionnement du K-Nearest Neighbor.

Les voisins les plus proches sont repérés à l'aide d'une mesure de distance. Par conséquent, la métrique de distance et la valeur  $K$  sont deux éléments importants à prendre en compte lors de l'utilisation de l'algorithme KNN. La distance euclidienne est la métrique la plus populaire. D'autres distances comme la distance de Hamming, de Manhattan et de Minkowski peuvent être envisagées selon le contexte.

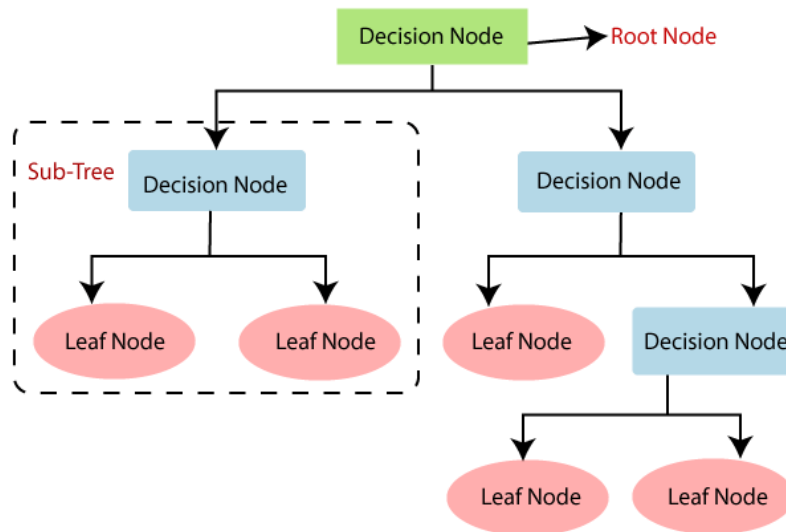
KNN est robuste aux données d'apprentissage bruyantes et il est efficace pour un grand nombre d'exemples. Mais pour cet algorithme, il faut déterminer la valeur du paramètre  $K$  et le type de distance à utiliser. Le temps de calcul peut être long car il faut calculer la distance de chaque instance de la requête par rapport à tous les échantillons d'entraînement et il devient significativement plus lent lorsque le nombre d'exemples et/ou de prédicteurs/ variables indépendantes augmente [166].

- **Decision trees (DT)**

L'arbre de décision construit des modèles de classification ou de régression sous la forme d'une structure en arbre. Il décompose un ensemble de données en sous-ensembles de plus en plus petits, tandis qu'un arbre de décision associé est développé de manière incrémentielle. Le résultat final est un arbre avec des nœuds de décision et des nœuds feuilles. Un nœud de décision possède deux branches ou plus. Le nœud feuille représente une classification ou une décision.



Le nœud de décision le plus élevé dans un arbre, qui correspond au meilleur prédicteur, est appelé nœud racine. Les arbres de décision peuvent traiter des données catégorielles et numériques. [167]



**Figure 4.28. Algorithme de classification par arbre de décision pour l'apprentissage automatique.**

Un arbre de décision est construit de haut en bas à partir d'un nœud racine et implique le partitionnement des données en sous-ensembles qui contiennent des instances avec des valeurs similaires (homogènes). Lors de la construction d'un arbre de décision, l'objectif principal est de sélectionner le meilleur attribut de la liste totale des caractéristiques de l'ensemble de données pour le nœud racine ainsi que pour les sous-nœuds. La sélection des meilleurs attributs est réalisée à l'aide d'une technique connue sous le nom de mesure de sélection des attributs (ASM). A l'aide de l'ASM, les meilleures caractéristiques peuvent facilement être sélectionnées pour les nœuds respectifs de l'arbre de décision. Il existe deux techniques pour l'ASM : le gain d'information et l'indice de Gini. Le gain d'information est la mesure des changements dans la valeur de l'entropie après la division/segmentation de l'ensemble de données sur la base de l'attribut. La construction d'un arbre de décision consiste à trouver l'attribut qui renvoie le gain d'information le plus élevé (c'est-à-dire les branches les plus homogènes). Cependant, l'indice de Gini est également défini comme une mesure de l'impureté/de la pureté utilisée lors de la création d'un arbre de décision dans l'algorithme CART (connu sous le nom d'arbre de classification et de régression).

- **Naïve Bayes (NB)**

Le classificateur NB appartient à la famille des classifieurs de probabilité, utilisant le théorème bayésien [168]. Il traite des probabilités et des distributions de probabilités. La raison pour laquelle il est appelé "Naïf" est qu'il y a une forte hypothèse d'indépendance entre les caractéristiques données. En termes simples, un classificateur Bayes naïf suppose que la présence d'une caractéristique particulière dans une classe n'est pas liée à la présence de toute autre caractéristique. Le modèle Naïve Bayes est facile à construire et particulièrement utile pour les très grands ensembles de données. Le théorème de Bayes permet de calculer la probabilité postérieure  $P(c|x)$  à partir de  $P(c)$ ,  $P(x)$  et  $P(x|c)$ , comme dans l'équation ci-dessous:

$$P(c|x) = \frac{P(x|c) P(c)}{P(x)} \quad (4.23)$$

$$P(c|x) = P(x_1|c) \cdot P(x_2|c) \cdot \dots \cdot P(x_n|c) \cdot P(c) \quad (4.24)$$

Avec :

- $P(c|x)$  est la probabilité postérieure de la classe ( $c$ , target) étant donné le prédicteur ( $x$ , attributs).
- $P(c)$  est la probabilité antérieure de la classe.
- $P(x|c)$  est la vraisemblance qui est la probabilité du prédicteur étant donné la classe.
- $P(x)$  est la probabilité antérieure du prédicteur.

Sur la base de ce théorème, les prédictions peuvent être faites. En conclusion, la classe ayant la probabilité postérieure la plus élevée est le résultat de la prédiction.

$$C = \arg \max_{C_k} P(C_k) \prod_{i=1}^n P(X_i|C_k) \quad (4.25)$$

Lorsque l'hypothèse d'indépendance est vérifiée, le classificateur NB est plus performant que d'autres modèles tels que la régression logistique en utilisant moins de données d'entraînement. Mais, dans la vie réelle, il est presque impossible d'obtenir un ensemble de prédicteurs qui soient complètement indépendants. Une autre limitation, si une variable catégorielle a une catégorie (dans l'ensemble de données de test), qui n'a pas été observée dans l'ensemble de données d'entraînement, alors le modèle assignera une probabilité de 0 et sera incapable de faire une

prédiction. Ce phénomène est souvent connu sous le nom de "fréquence zéro". D'un autre côté, le modèle de Bayes naïf est également connu pour être un mauvais estimateur, les sorties de probabilité ne doivent donc pas être prises trop au sérieux.

- **Discriminant Analysis (DA)**

L'analyse discriminante utilise les observations d'apprentissage pour déterminer l'emplacement de la frontière entre les classes de réponse [169]. L'emplacement de la frontière est déterminé en traitant les observations de chaque classe comme des échantillons d'une distribution normale multidimensionnelle. Théoriquement, nous pourrions ajuster une distribution normale à  $n$  dimensions aux observations de chaque classe. Cela implique de calculer le vecteur moyen et la matrice de covariance pour chaque classe équation. Ceux-ci déterminent respectivement le centre et la forme de la distribution.

$$p(x) = \frac{\exp(-\frac{1}{2}(x - \mu)^T \Sigma^{-1}(x - \mu))}{\sqrt{((2\pi)^n |\Sigma|)}} \quad (4.26)$$

Avec :  $p(x)$  est la distribution normale multi-variée;  $x$  est un vecteur colonne réel à  $n$  dimensions ;  $\mu$  est la moyenne de la distribution ;  $\Sigma$  est la matrice de covariance.

Après avoir ajusté les distributions, nous pouvons tracer une frontière entre les classes en déterminant l'ensemble des points où les probabilités sont égales. Les observations d'un côté de la frontière seraient classées dans une classe, les observations de l'autre côté dans l'autre classe. Nous pouvons faire tout cela en théorie, ce qui donne une équation pour la frontière qui dépend des paramètres des distributions ajustées. Cela signifie que nous n'avons pas besoin de passer par tout le processus d'analyse discriminante, il suffit de calculer les moyennes et la covariance et d'appliquer la formule pour la limite.

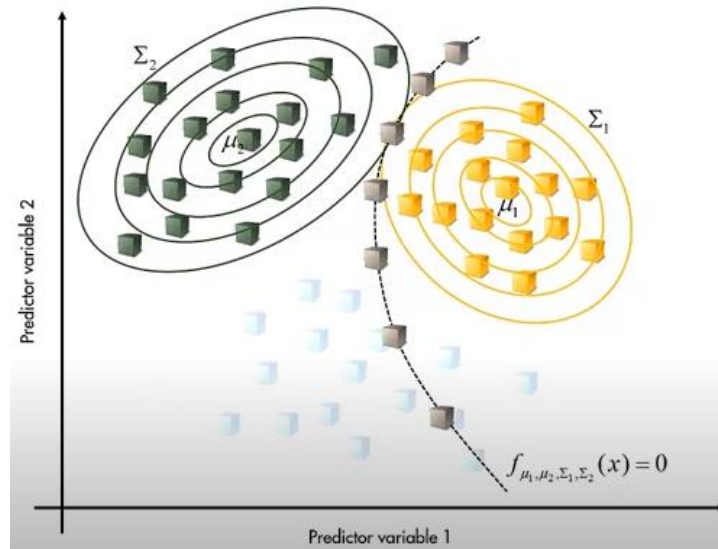


Figure 4.29. détermination de la frontière entre les classes en prenant l'ensemble des points où les probabilités sont égales.

Si nous supposons que les distributions ont toutes la même forme, c'est-à-dire les mêmes matrices de covariance, alors les formules se simplifient grandement, les limites s'avèrent être linéaires et les coefficients de ces limites linéaires sont facilement calculés à partir des moyennes des classes individuelles et de la matrice de covariance partagée des observations. Cela rend l'analyse discriminante linéaire rapide et facile à réaliser.

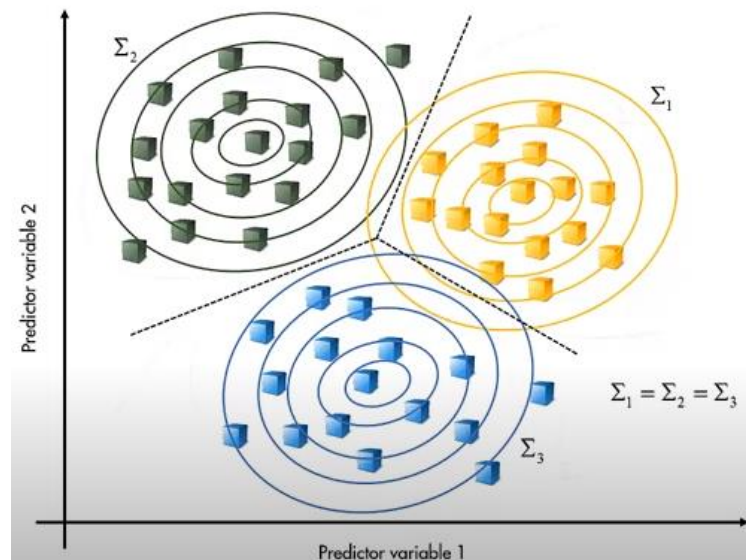
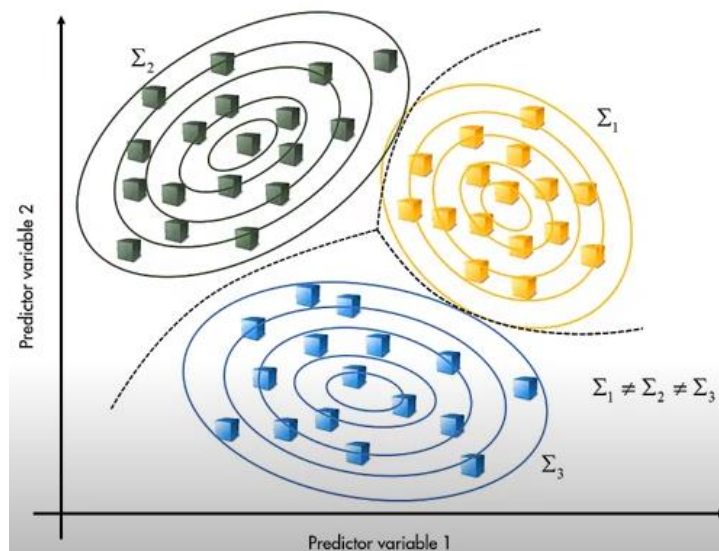


Figure 4.30. Analyse discriminante linéaire : les distributions ont toutes la même forme.

Cependant, les frontières linéaires ne sont pas appropriées pour tous les problèmes. Si nous ne supposons pas que les matrices de covariance sont les mêmes pour toutes les classes, les

frontières s'avèrent être quadratiques et, là encore, les coefficients sont déterminés par les vecteurs moyens et les matrices de covariance des observations. L'analyse discriminante quadratique reste donc relativement rapide bien qu'elle nécessite plus de calculs et de mémoire pour évaluer, stocker et inverser les multiples matrices de covariance, en particulier lorsqu'il y a beaucoup de prédicteurs et de classes.



**Figure 4.31. Analyse discriminante quadratique: les distributions ne sont pas de la même forme.**

Comme les limites sont basées sur la distribution statistique de toutes les observations plutôt que sur des observations individuelles, les limites sont quelque peu robustes au bruit dans les données d'apprentissage.

### c. Évaluation des performances de classification

Afin de clarifier de manière significative nos expériences, une évaluation commune est évidemment établie pour résumer les résultats de la détection automatique de la dégénérescence maculaire. De chaque image ROI, un ensemble de quatre caractéristiques texturales est extrait et attribué aux différents classificateurs précédents afin d'évaluer la précision de la classification et l'erreur de prédiction du modèle en utilisant la technique de validation croisée k-fold (10-fold cross-validation). En fait, la validation croisée k-fold est une méthode de validation où les données sont divisées en K sous-ensembles de taille égale, dont (k - 1) partie est utilisée pour entraîner le modèle, et le reste de la partie est utilisé comme données de validation pour tester le modèle. Ce processus est répété sur tous les k sous-ensembles de sorte que chaque sous-ensemble est utilisé comme données de validation exactement une fois, et comme données

d'entraînement ( $k - 1$ ) fois. Enfin, nous faisons la moyenne de la précision de classification et des taux d'erreur des  $k$  expériences pour obtenir une seule mesure de performance. Dans la validation croisée à  $k$  plis,  $k$  est généralement 10, ce qui est un choix approprié pour la plupart des applications, comme le montre l'exemple suivant :

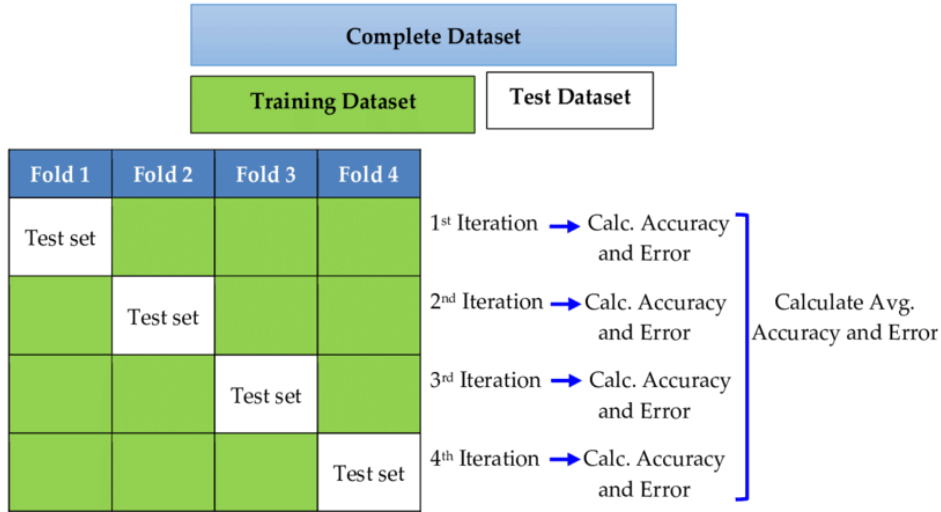


Figure 4.32. Schéma descriptif de la technique de validation croisée utilisée.

- **Évaluation de la précision de la classification**

Pour évaluer la performance de la classification des images OCT, nous avons utilisé la validation croisée  $k$ -fold et examiné la précision de chacun des sous-groupes. La façon la plus significative d'évaluer la performance d'un modèle de prédiction est d'évaluer sa capacité à classer des données non vues. Nous avons donc réalisé différentes simulations sur l'ensemble de test afin de valider les résultats de la méthode que nous proposons. Les résultats de classification obtenus par validation croisée 10 fois sont résumés dans le **Tableau 4.5**. La précision globale (overall accuracy) de chaque sous-groupe est indiquée avec leurs taux d'erreur respectifs. La moyenne des résultats de tous les tests est calculée pour obtenir une mesure unique de la performance globale de la classification pour chaque classifieur.

**Tableau 4.5. Précision globale de la classification calculée par validation croisée 4 fois sur l'ensemble de données de test.**

k-fold	KNN		DA		NB		DT		SVM	
	overall Acc%	Error Rate%	overall Acc%	Error Rate%	overall Acc%	Error Rate%	overall Acc%	Error Rate%	overall Acc%	Error Rate%
<b>k=1</b>	90,32	9,68	93,54	6,46	93,54	6,46	93,54	6,46	93,54	6,46

*Chapitre 4. Segmentation des couches rétinienne chez des sujets pathologiques*

<b>k=2</b>	96,87	3,13	93,75	6,25	93,75	6,25	90,62	9,38	90,62	9,38
<b>k=3</b>	93,75	6,25	100	0	93,75	6,25	87,5	12,5	100	0
<b>k=4</b>	96,77	3,23	96,77	3,23	100	0	100	0	96,77	3,23
<b>k=5</b>	100	0	96,77	3,23	96,77	3,23	100	0	96,77	3,23
<b>k=6</b>	100	0	96,77	3,23	87,09	12,91	87,09	12,91	93,54	6,46
<b>k=7</b>	100	0	100	0	100	0	100	0	96,77	3,23
<b>k=8</b>	96,77	3,23	93,54	6,46	100	0	93,54	6,46	100	0
<b>k=9</b>	96,77	3,23	100	0	96,77	3,23	96,77	3,23	96,77	3,23
<b>k=10</b>	100	0	90,32	9,68	93,54	6,46	96,77	3,23	93,54	6,46
<b>Moyenne</b>	<b>97,12</b>	<b>2,875</b>	<b>96,14</b>	<b>3,854</b>	<b>95,52</b>	<b>4,479</b>	<b>94,58</b>	<b>5,417</b>	<b>95,83</b>	<b>4,168</b>

À partir du **Tableau 4.5.**, nous pouvons clairement constater que pour chaque sous-ensemble, une grande précision est obtenue dans la plupart des classifieurs. Cependant, KNN domine les autres méthodes avec la plus grande précision de classification et le plus faible taux d'erreur. La précision moyenne de la classification était de **97,125%** sans sur-ajustement des données. En outre, nous avons également calculé le taux d'erreur de classification de chaque technique. L'erreur maximale moyenne a été notée pour le classificateur DT, qui était seulement de 5,4%. Par ailleurs, l'erreur minimale moyenne a été obtenue par le classifieur KNN dont la valeur est de 2,87%. Les principaux avantages de la validation croisée k-fold sont qu'elle permet non seulement d'évaluer les performances de classification, mais aussi de contrôler les problèmes de sur-adaptation qui se produisent souvent dans les modèles d'apprentissage profond.

Les résultats obtenus sont très appréciables pour confirmer que les caractéristiques extraites sont les plus qualifiées pour effectuer une étude de classification. Et c'est ce qui confirme à son tour que l'utilisation de l'algorithme des K-means génétiques est la méthode appropriée pour l'extraction des caractéristiques. Ainsi, nous pouvons conclure que notre algorithme est une méthode fiable et applicable pour identifier le bon ROI à partir d'images OCT. Il permet de détecter et de segmenter efficacement les différentes lésions liées à la DMLA et à l'OMD.

Bien que la métrique de la précision globale nous ait considérablement aidés à comparer les algorithmes et à construire des modèles expérimentaux robustes. Mais, la précision de la classification en elle-même n'est pas assez suffisante pour prendre une décision finale sur la performance du modèle. Dans une telle situation, nous étendons notre analyse pour trouver d'autres mesures de performance en utilisant la matrice de confusion.

• **Matrice de confusion**

Une matrice de confusion est un outil permettant de mesurer les performances d'un modèle d'apprentissage automatique en vérifiant notamment la fréquence à laquelle ses prédictions sont exactes par rapport à la réalité dans les problèmes de classification [170]. La matrice indique le nombre de prédictions correctes et incorrectes pour chaque classe réelle en fonction de la classe prédite. Chaque colonne du tableau correspond à une classe prédite tandis que chaque ligne représente la classe réelle. Une structure simple de la matrice de confusion avec trois classes est présentée dans la **Figure 4.33**.

Matrice de confusion		Prédit		
		Classe 1	Classe 2	Classe 3
Réelle	Classe 1	A	B	C
	Classe 2	D	E	F
	Classe3	G	H	I

■ Cas mal classés

■ Cas correctement classés

**Figure 4.33. Matrice de confusion comportant 3 classes.**

De plus, une matrice de confusion est un tableau qui rapporte le nombre de vrais positifs, faux positifs, vrais négatifs et faux négatifs qui sont définis comme suit :

- **Vrai-négatif (TP)** : Les cas où la prédiction est positive, et la valeur réelle est effectivement positive.
- **Vrai-positif (TN)** : Les cas où la prédiction est négative, et la valeur réelle est effectivement négative.
- **Faux-positif (FP)** : Les cas où la prédiction est positive, mais la valeur réelle est négative.
- **Faux négatif (FN)** : Les cas où la prédiction est négative, mais la valeur réelle est positive.

Pour évaluer la performance d'un modèle de classification pour chaque classe, nous avons simulé différents cas et les résultats sont affichés dans les matrices de confusion de chaque classifieur comme indiqué dans la **Figure 4.34**.



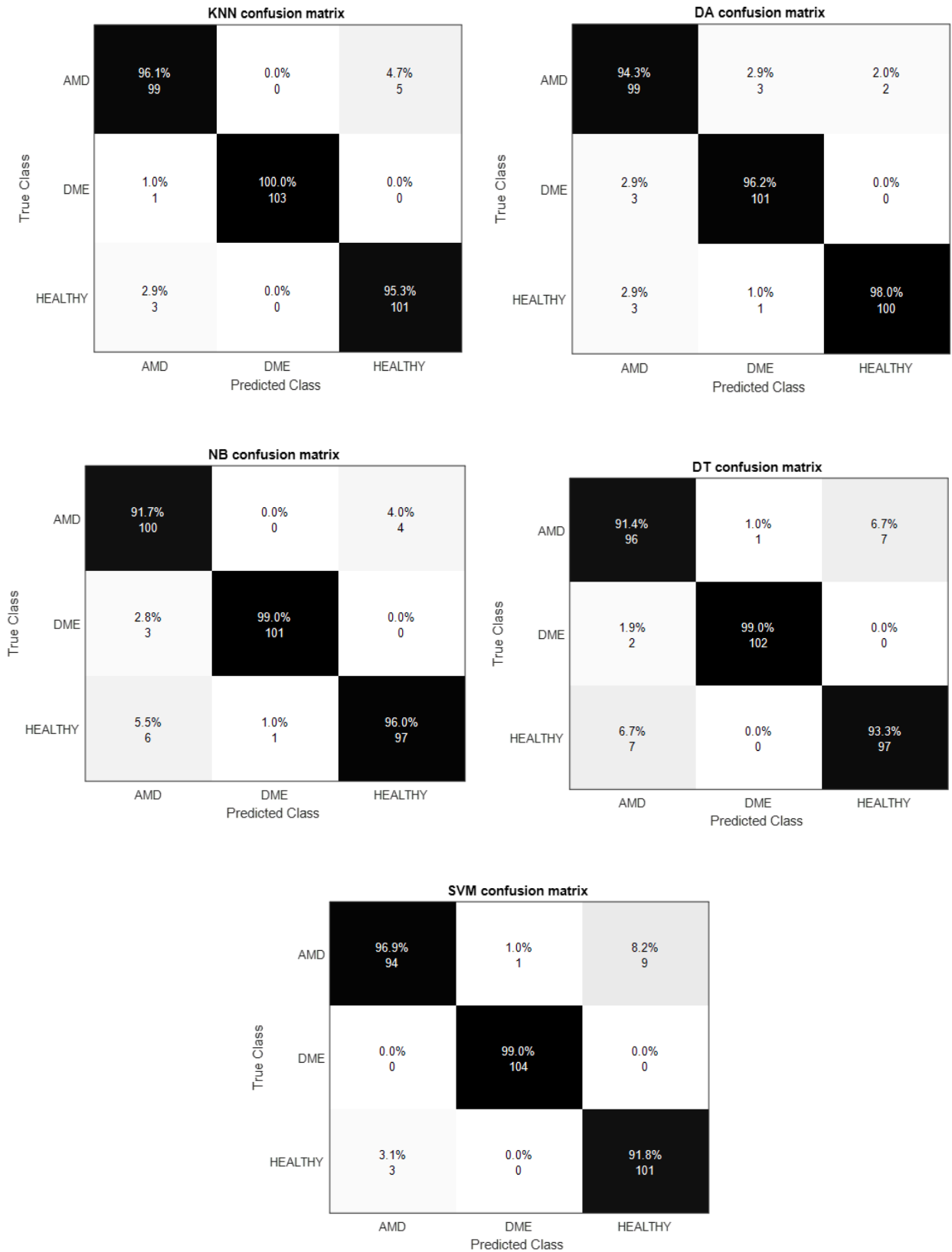


Figure 4.34. Résultats de la matrice de confusion sur le jeu de données de test pour les cinq classificateurs.

Dans la matrice de confusion, les cellules diagonales en couleur noire montrent les cas correctement classés et les autres cellules indiquent le nombre de cas mal classés. La classe réelle est tirée directement de l'ensemble de données de test original, alors que les valeurs de classe prédites sont obtenues par les classifieurs utilisés sur l'ensemble de données de test. La description des trois classes dans la matrice de confusion est donnée comme suit :

- **Classe 1** : Cas de DMLA.
- **Classe 2** : Cas d'OMD.
- **Classe 3** : Cas sains.

Par exemple, pour le classifieur KNN, 99 cas appartenant à la classe "1" sont correctement classés comme image DMLA. De même, 103 et 101 cas appartenant à la classe "2", "3" sont correctement classés comme images d'OMD et saines respectivement. Seuls neuf cas mal classés ont été remarqués, tandis que le reste des cas sont correctement classés avec une précision élevée de 97,12%. Cette analyse nous permet non seulement de savoir où les erreurs sont commises, mais aussi de trouver un moyen d'améliorer les performances du modèle.

La précision de la classification elle-même n'est généralement pas un critère suffisant pour décider si le modèle que nous avons conçu est assez performant pour faire des prédictions robustes. Le problème de la précision globale est qu'elle ne permet pas de discriminer entre les différents types de mauvaises classifications. Nous avons donc calculé d'autres mesures de performance telles que, le rappel (Recall), la spécificité, le score F1, la valeur prédictive négative (NPV) et la valeur prédictive positive (PPV) [171] au moyen de la matrice de confusion.

- **Accuracy (Acc)** : Une mesure de la classification correcte de la présence ou de l'absence de la maladie dans l'image sur le nombre total d'images.

$$ACC = \frac{TP + TN}{(TP + TN + FP + FN)} \quad (4.27)$$

- **Positive prediction value (PPV)**: Une mesure de la classification correcte de la présence de la maladie dans l'image sur le nombre total d'images classées comme étant présentes cette maladie. Elle est également appelée précision.

$$PPV = \frac{TP}{TP + FP} \quad (4.28)$$

- **Negative prediction value (NPV)** : Il s'agit d'une mesure de la classification correcte de l'absence de la pathologie dans l'image par rapport au nombre total d'images classées comme normales.

$$NPV = \frac{TN}{TN + FN} \quad (4.29)$$

- **Sensitivité (Sen) ou rappel (Recall)** : Cette métrique représente le taux de vrais positifs. C'est l'indice évalué la capacité d'un classificateur à classer correctement les cas anormaux.

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (4.30)$$

- **Spécificité (Spe)** : Une mesure de la classification correcte de l'absence de la pathologie dans l'image sur le nombre total d'images sans pathologie. Il est également appelé le taux de vrais négatifs.

$$SPE = \frac{TN}{TN + FP} \quad (4.31)$$

- **Score-F1** : Le score-F1 reflète l'équilibre entre la précision et le rappel d'un classifieur. Il est utile pour mesurer la précision et la robustesse du classifieur.

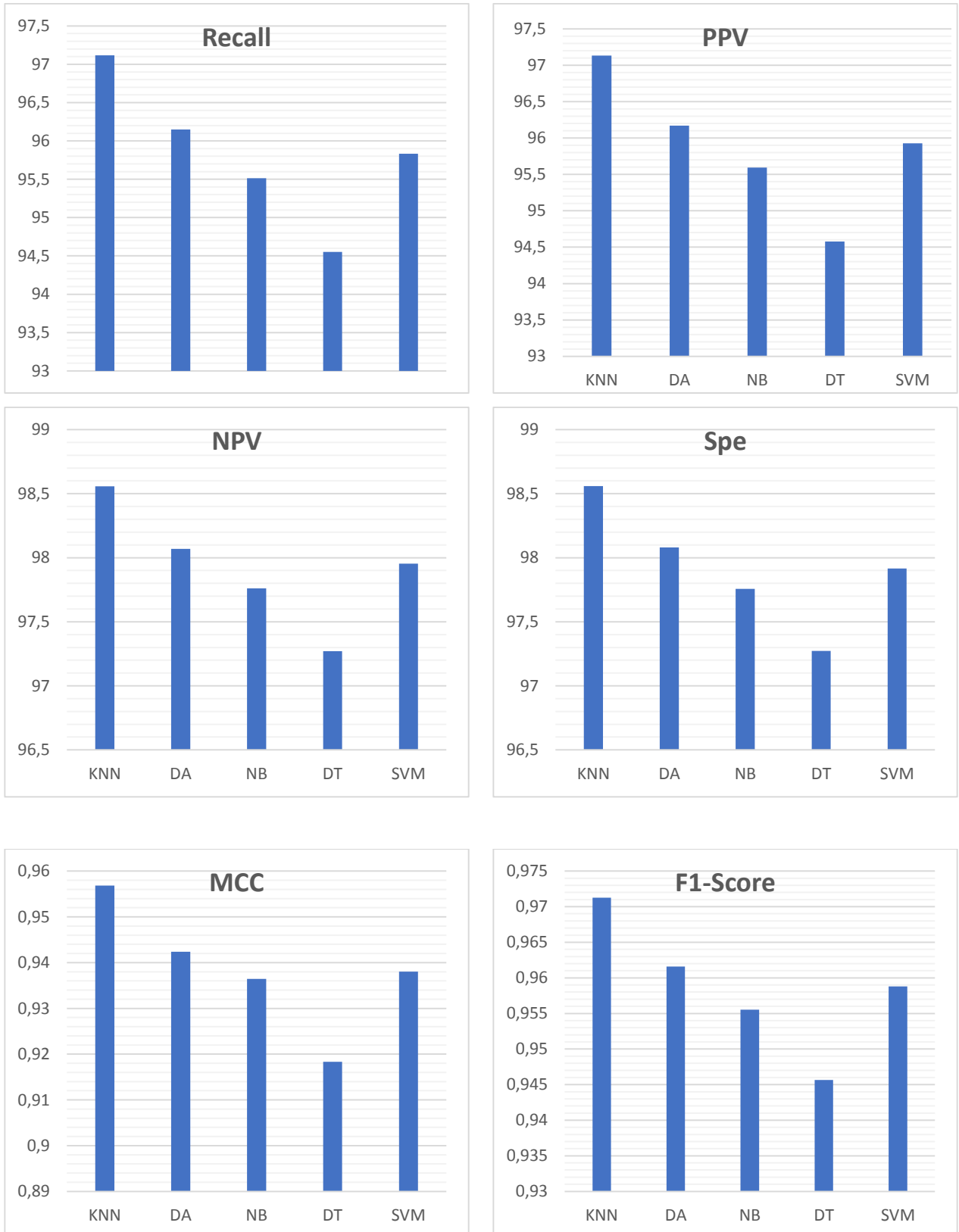
$$F1 - Score = \frac{2 * TP}{(2 * TP + FP + FN)} \quad (4.32)$$

- **Le coefficient de corrélation de Matthews (CCM)** : La MCC calcule la corrélation entre les étiquettes réelles et prédites, ce qui produit un nombre compris entre -1 et 1. Par conséquent, elle ne produira un bon score que si le modèle est précis dans toutes les composantes de la matrice de confusion. La MCC est la métrique la plus robuste contre les problèmes de bases de données déséquilibrées ou de classification aléatoire.

$$MCC = \frac{(TP * TN) - (FP * FN)}{\sqrt{(TP + FP) * (TP + FN) * (TN + FP) * (TN + FN)}} \quad (4.33)$$

Ces termes sont normalement définis pour les problèmes de classification binaire où le résultat est soit "positif" ou "négatif". Comme nous avons trois classes et nous traitons un problème multi-classes, ces critères sont déterminés en calculant TN, TP, FP et FN de chaque classe

séparément. Ainsi, une analyse systématique des différents classifieurs sur chaque classe de l'ensemble de données a été effectuée. La performance moyenne de toutes les classes est illustrée dans les histogrammes suivants **Figure 4.35**. Toutes les mesures de performance sont calculées à partir de leurs matrices de confusion correspondantes.



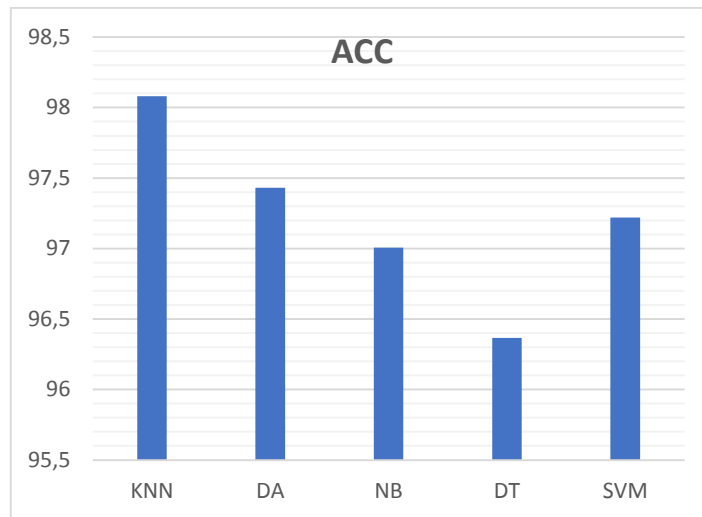


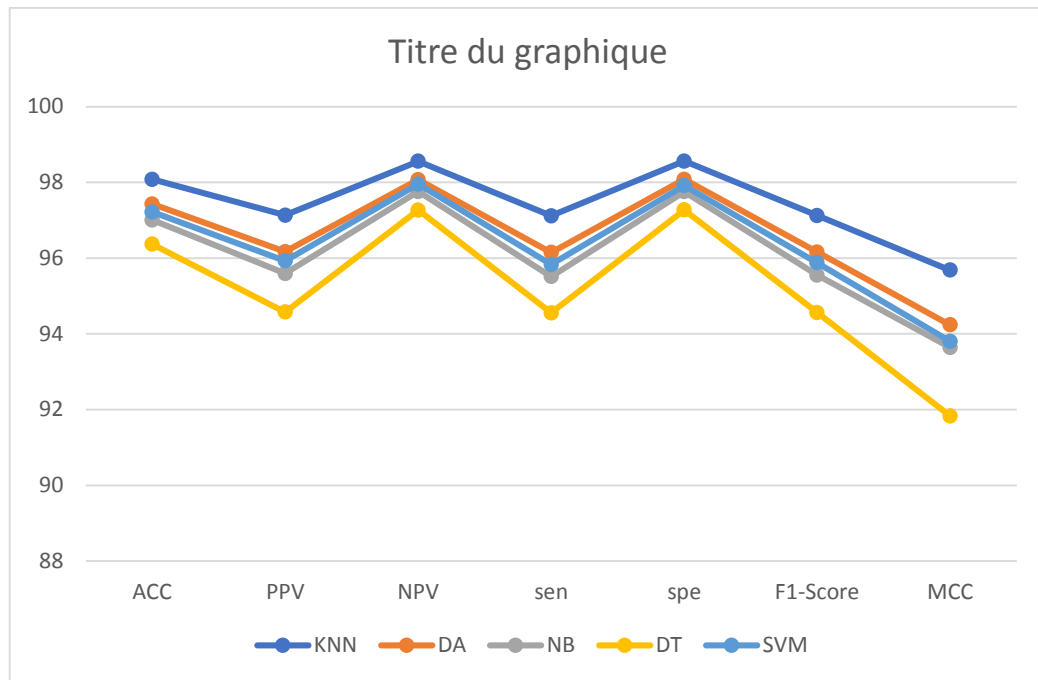
Figure 4.35. Histogramme de l'évolution des mesures de performance pour les différents classificateurs.

À partir de ces graphiques, nous pouvons remarquer qu'il n'y a pas une grande différence entre les résultats obtenus par les deux classifieurs KNN et DA ; néanmoins, le classifieur KNN a assuré une meilleure performance par rapport au classifieur DA pour classier les trois cas. La précision et le rappel ont été utilisés pour mesurer l'exactitude et la qualité du modèle. En termes de précision moyenne (la précision de trois classes), KNN a atteint 97,13 %, suivi par DA avec 96,17 %. KNN demeure toujours le classifieur le plus puissant en termes de rappel avec 97,12% comparé à DA qui a donné à seulement un pourcentage de 96,15%. Par exemple, si le modèle KNN prédit que 103 des 312 cas sont des DMLA et que seulement 99 de ces 103 cas sont réellement des DMLA, alors la précision est de  $99/103 = 0,9612$ . De même, pour le rappel, si 104 des 312 cas sont réellement des DMLA et que le modèle a correctement prédit 99 d'entre eux. Alors, le rappel sera de  $99/104 = 0,9519$ . Même pour la classification des OMD, la précision du classifieur KNN a dépassé celle de DA avec une différence de 3,81%. La précision de KNN est de 100% alors que DA n'a qu'une précision de 96,19%. Des valeurs élevées de précision indiquent qu'un modèle a renvoyé plus de résultats connexes que de résultats non connexes, tandis que des valeurs élevées de rappel montrent qu'un algorithme a obtenu un maximum de résultats pertinents.

Il est important de noter que le rappel ne se concentre que sur les taux de vrais positifs ou la sensibilité, il est donc nécessaire d'utiliser une autre mesure de performance qui calcule le taux de vrais négatifs. La spécificité est la mesure de performance idéale pour calculer la précision des cas négatifs. Par exemple, si 208 cas sans maladie sont testés, et que 203 d'entre eux ont donné un résultat négatif, le test a une spécificité de 97,6 %. Par exemple, Le DA a donné 99,04% de spécificité, tandis que KNN a donné 97,6%, ce qui est 1,44% inférieur à celui du

DA. Dans ce cas, nous pouvons dire que le classifieur DA est plus spécifique que KNN dans la classification correcte de l'absence de DMLA et de DME dans l'image parmi le nombre total d'images ne présentant pas ces pathologies. La valeur de prédiction négative (NPV) permet également d'examiner le taux de vrais négative. La valeur prédictive négative (NPV) a également été utilisée pour examiner le taux de vrais négatifs. Par exemple, si parmi 312 cas, il n'y a que 206 cas qui sont correctement classés comme normaux et que 203 d'entre eux ont donné un résultat négatif, alors la valeur NPV pour KNN est de 98,56% alors que DA ne présente qu'une valeur de 97,11%. De plus, pour bénéficier des calculs de précision et de rappel, nous avons calculé le F-score de chaque classe. Le score F1 est la moyenne pondérée de Précision et Recall. Par conséquent, ce score prend en compte les faux positifs et les faux négatifs. Il fournit une excellente mesure pour vérifier la précision du système. Dans le graphique F-score, le modèle KNN a obtenu un F-score de 0,9565 pour la classe AMD tandis que le F-score obtenu pour la classe OMD est de 0,9952. En revanche, le classifieur DA donne un score inférieur de 94,74% et 96,65% pour les deux cas respectivement. En complément, le MCC est une autre métrique qui peut être utilisée pour évaluer la performance d'un classifieur. Un MCC égal à 1 indique une prédiction parfaite. Le MCC moyenne de KNN de toutes les classes est de 0,9568, ce qui indique une prédiction précise.

A travers cette interprétation quantitative des résultats, il est clair que les attributs extraits des images ROI en utilisant notre algorithme proposé GBKM ont permis au classifieur KNN de classer et de distinguer les différents cas de la base de données, à savoir les image de DMLA, d'OMD et les images saines, avec des taux de performance très élevés **Figure 4.36.**, ce qui est l'objectif que nous recherchons dans cette phase. Nous constatons que l'algorithme proposé a montré de bons résultats, indirectement visibles dans la performance finale de la classification.



**Figure 4.36. Représentation des courbes pour la comparaison des performances des classificateurs.**

Pour souligner la qualité de notre algorithme GBKM, une comparaison a été effectuée entre nos résultats de classification et ceux de l'état de l'art, qui ont utilisé la même base de données et les mêmes classifieurs. La seule particularité est que ces travaux ont utilisé différents descripteurs de caractéristiques alors que nous nous sommes basés sur les images ROI segmentées par l'algorithme GBKM pour extraire les caractéristiques les plus pertinents. En outre, certains auteurs n'ont utilisé qu'une partie de la base de données, à savoir Lemaitre et al. [172] et Hussain et al. [170]. Ces deux chercheurs ont rapporté la performance du modèle de classification uniquement pour deux classes (Normal et DME) et (Normal et AMD) respectivement. Nous avons donc suivi la même approche à des fins de comparaison. Parallèlement, nous avons utilisé la moyenne de nos résultats de performance pour les comparer aux autres travaux qui ont classé les trois cas en termes de sensibilité, de spécificité, de score f1 et de précision, comme le montre le **Tableau 4.6**. Dans le paragraphe suivant, nous expliquons en détail les résultats de chaque méthode.

Tableau 4.6. Comparaison avec les études existantes.

Nombre de classes	Classifieur	Auteurs	Descripteurs de caractéristiques	Acc%	Sen%	Spe%	F1-scor
03	SVM	Srinivisan et al.	HOG	93,33	100	86,67	0,9375
		Yu et al.	LCP	93,30	93,30	96,3	-
		Hussain et al.	Détection des boudures MZ-EZ	86,22	-	-	-
		<i>Notre méthode</i>	<i>Algorithme GBKM</i>	<i>97,22</i>	<i>95,83</i>	<i>97,92</i>	<i>0,9587</i>
02 (DMLA-sains)	SVM	Hussain et al.	Détection des boudures MZ-EZ	88,67	-	-	-
		<i>Notre méthode</i>	<i>Algorithme GBKM</i>	<i>95,83</i>	<i>90,38</i>	<i>98,56</i>	<i>0,9353</i>
02 (OMD-sains)	SVM	Lemaitre et al.	LBP	-	75	93,7	-
		<i>Notre méthode</i>	<i>Algorithme GBKM</i>	<i>99,68</i>	<i>100</i>	<i>99,52</i>	<i>0,9952</i>
03	NB	Yu et al.	LCP	95,7	95,7	97,4	-
		Hussain et al.	Détection des boudures MZ-EZ	91,11	-	-	-
		<i>Notre méthode</i>	<i>Algorithme GBKM</i>	<i>97</i>	<i>95,51</i>	<i>97,76</i>	<i>0,9553</i>
03	DT	Hussain et al.	Détection des boudures MZ-EZ	93,56	-	-	-
		<i>Notre méthode</i>	<i>Algorithme GBKM</i>	<i>96,37</i>	<i>94,55</i>	<i>97,27</i>	<i>0,9456</i>



02  (DME- sains)	KNN	Lemaitre et al.	LBP	-	75	87,5	-
		<b>Notre méthode</b>	<b>Algorithme GBKM</b>	<b>99,68</b>	<b>99,04</b>	<b>100</b>	<b>0,9952</b>

Nous commençons par le travail de Hussain qui a proposé un modèle de classification pour identifier automatiquement les individus atteints de DMLA ou d'OMD en utilisant des caractéristiques extraites des couches rétinienne. Ces couches ont été segmentées par un algorithme basé sur le graphe combiné avec le détecteur d'arêtes de Canny. En utilisant le classifieur SVM, ils ont trouvé une précision de 86,22%, soit 11% de moins que notre résultat (97,22%). Ils ont également testé leur méthode proposée dans la classification binaire (DMLA et sain) et ils ont obtenu une précision de 88,67% qui était plus faible que nos résultats (95,83%). Hussain et al. ont également évalué l'efficacité des caractéristiques extraites en utilisant d'autres modèles de classification comme NB et DT. Ils ont trouvé une précision de 91,11% et 93,56% et notre méthode proposée atteint 97% et 96,37% respectivement. Le classificateur SVM a également été utilisé par les auteurs Srinivisan et al. et Yu et al. pour classer les trois cas en utilisant respectivement les caractéristiques des descripteurs Histogram of Oriented Gradients (HOG) et linear configuration pattern (LCP). Les deux auteurs ont obtenu une précision d'environ 93%, alors que la méthode que nous proposons atteint (97,22%). Une autre métrique importante pour la mesure de la performance est le f1-score, où notre méthode proposée atteint la valeur la plus élevée qui est 0,9587 et la deuxième valeur la plus élevée 0,9375 est atteint par Srinivissan et al. Notre méthode proposée atteint la valeur la plus élevée non seulement pour f1-score mais aussi pour la spécificité qui est plus de 97% où la deuxième valeur la plus élevée (96,3%) est atteint par Yu et al. La dernière valeur a été trouvée par Srinivissan et al. (86,67%). D'autre part, les auteurs Lemaitre et al. ont seulement catégorisé deux cas (DME et sain) par deux classifieurs KNN et SVM en utilisant les étiquettes extraites par l'opérateur de texture Local Binary Pattern (LBP) et ils ont trouvé une sensibilité de 75% pour les deux classifieurs, tandis que la spécificité trouvée était de 87,5% et 93,75% pour KNN et SVM respectivement. Ces résultats sont très comparables par apport à notre algorithme, car nous avons obtenu une sensibilité de 99,04% et 100% et une spécificité de 100% et 99,52% pour KNN et SVM respectivement.

En résumé, nous pouvons affirmer que les attributs extraits de notre algorithme GBKM ont permis au classifieur KNN (même chose pour les autres classifieurs) de classer et catégoriser les différents cas, à savoir : (DMA - sain), (DMO - sain) et (DMA - DMO) avec des taux de

performance très importants et élevés, et c'est ce que nous recherchions. L'algorithme GBKM a montré de bons résultats, indirectement visibles dans la performance finale de la classification

# **Conclusion générale**

La tomographie par cohérence optique (OCT) est une technique non invasive qui permet d'explorer la rétine *in vivo* et de diagnostiquer plusieurs pathologies. Avec la remarquable évolution de sa résolution, elle est aujourd'hui devenue une partie intégrale d'un éventuel examen ophtalmologique de référence. Ainsi, les médecins ont permis d'étudier l'évolution de certaines pathologies grâce à des méthodes de segmentation automatique et de haute précision. Au fil de notre travail de thèse, nous avons utilisé un ensemble de méthodes pour assurer la segmentation d'images OCT dans le cas de sujets sains et de sujets atteints de dégénérescence maculaire par âge et d'œdème maculaire diabétique. Ces méthodes sont basées sur l'exploitation des connaissances anatomiques sur la structure et l'apparence des couches rétinienne dans les images OCT. Afin que notre travail atteigne l'objectif recherché, analyser la variabilité rétinienne dans les images OCT, nous avons créé une approche totalement automatique pour la segmentation des structures en couches chez les sujets sains en utilisant la théorie des graphes et la programmation dynamique qui réduit significativement le temps de traitement nécessaire pour la segmentation des images et l'extraction des caractéristiques. L'approche proposée est notamment plus adaptée à la variabilité des autres systèmes d'acquisition. Mais dans le cas des sujets pathologiques, compte tenu de la disparition de la structure en couches et des modifications morphologiques de la rétine, la segmentation et l'extraction des couches rétinienne deviennent plus approximatives. Nous avons donc développé un nouveau modèle hybride basé sur des algorithmes génétiques afin d'améliorer la qualité de la segmentation et d'obtenir un meilleur effet de clustering.

Enfin, nous avons procédé à la mise en œuvre d'un protocole de validation de nos résultats, afin de quantifier sa qualité, puis une étude comparative avec les travaux cités dans la littérature a été menée afin d'évaluer à nouveau leur robustesse.

L'évaluation de ces deux approches a été réalisée sur deux bases de données différentes d'images OCT. Le résultat obtenu est probant, il a démontré son utilité et sa pertinence par rapport aux travaux de la littérature. Ce résultat peut être envisagé comme une seconde lecture éventuelle après le radiologue "sans le remplacer".

La plus importante contribution clinique de notre travail est la compréhension de l'anatomie des régions fovéolaire et périfovéolaire dans le cas de sujets sains. De plus, les résultats de la segmentation peuvent grandement aider les médecins dans le diagnostic de la dégénérescence maculaire liée à l'âge et de l'œdème maculaire afin de mieux suivre son éventuelle évolution par la suite.

# Bibliographies

- [1] N. Sabbah, « Réorganisation cérébrale consécutive à la perte tardive d'une partie ou de la totalité du champ visuel et à la restitution sensorielle: approche comportementale et par IRM fonctionnelle », p. 163.
- [2] Itebeddine GHORBEL, « Segmentation et quantification des couches réiniennes dans des images de tomographie de cohérence optique, dans le cas de sujets sains et pathologiques», thèse doctorat, l'Institut Supérieur d'Electronique de Paris (ISEP), France, 12 Avril 2012, pp. 124.
- [3] World Health Organization, *World report on vision*. Geneva: World Health Organization, 2019. Consulté le: 28 février 2022. [En ligne]. Disponible sur: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/328717>
- [4] « UN. World Population Prospects\_The 2017 Revision. 2017 ».
- [5] S. L. Fine et M. G. Maguire, « Age-Related Macular Degeneration », *DRUG Ther.*, p. 10, 2000.
- [6] V. McConnell et G. Silvestri, « Age-related macular degeneration », *Ulster Med. J.*, p. 11.
- [7] J. Z. Nowak, « Age-related macular degeneration (AMD): pathogenesis and therapy », *Pharmacol. Rep.*, p. 11, 2006.
- [8] W. L. Wong *et al.*, « Global prevalence of age-related macular degeneration and disease burden projection for 2020 and 2040: a systematic review and meta-analysis », *Lancet Glob. Health*, vol. 2, n° 2, p. e106-e116, févr. 2014, doi: 10.1016/S2214-109X(13)70145-1.
- [9] P. C. de Mello, O. F. M. Brasil, H. S. Maia, P. K. Kaiser, M. B. Pereira, et H. V. de Moraes, « Prevalence and epidemiologic features of polypoidal choroidal vasculopathy in southeastern Brazil », *Eye*, vol. 21, n° 9, p. 1247-1247, sept. 2007, doi: 10.1038/sj.eye.6702929.
- [10] R. Kawasaki *et al.*, « The Prevalence of Age-Related Macular Degeneration in Asians », *Ophthalmology*, vol. 117, n° 5, p. 921-927, mai 2010, doi: 10.1016/j.ophtha.2009.10.007.
- [11] « Risk factors associated with age-related macular degeneration », *Ophthalmology*, vol. 107, n° 12, p. 2224-2232, déc. 2000, doi: 10.1016/S0161-6420(00)00409-7.
- [12] D. Pascolini et S. P. Mariotti, « Global estimates of visual impairment: 2010 », *Br. J. Ophthalmol.*, vol. 96, n° 5, p. 614-618, mai 2012, doi: 10.1136/bjophthalmol-2011-300539.
- [13] G. Lang, « Dégénérescence maculaire liée à l'âge », Clinique ophtalmologique de l'Université d'ULM pp. 1-16, 2003.
- [14] J. Q. Li *et al.*, « Prevalence, incidence and healthcare needs », p. 30.
- [15] C. DOT, « Dégénérescence Maculaire Liée A L'âge », Chapitre 15 (ITEM 81 ET ITEM 82), Collège des Ophtalmologistes Universitaires de France (COUF), pp. 13, 2021.

- 
- [16] « tem 127 (iltem 60) : Dégénérescence maculaire liée à l'âge (DMLA) », Collège des Ophtalmologistes Universitaires de France (COUF), p. 9, 2013.
- [17] Organisation mondiale de la santé, « RAPPORT MONDIAL SUR LE DIABETE », 2016, [www.who.int/diabetes/global-report](http://www.who.int/diabetes/global-report).
- [18] M. J. Burton *et al.*, « The Lancet Global Health Commission on Global Eye Health: vision beyond 2020 », *Lancet Glob. Health*, vol. 9, n° 4, p. e489-e551, avr. 2021, doi: 10.1016/S2214-109X(20)30488-5.
- [19] R. B. Nussenblatt, S. C. Kaufman, A. G. Palestine, M. D. Davis, et F. L. Ferris, « Macular Thickening and Visual Acuity », *Ophthalmology*, vol. 94, n° 9, p. 1134-1139, sept. 1987, doi: 10.1016/S0161-6420(87)33314-7.
- [20] M. Brownlee, « The Pathobiology of Diabetic Complications », *Diabetes*, vol. 54, n° 6, p. 1615-1625, juin 2005, doi: 10.2337/diabetes.54.6.1615.
- [21] C. Creuzot-Garcher et P. Massin, *Oedèmes maculaires: rapport 2016*. Issy-les-Moulineaux: Elsevier Masson, 2016.
- [22] D. A. Antonetti, A. J. Barber, S. Khin, E. Lieth, J. M. Tarbell, et T. W. Gardner, « Vascular Permeability in Experimental Diabetes Is Associated With Reduced Endothelial Occludin C o n t e n t », vol. 47, p. 8, 1998.
- [23] D. Navaratna, P. G. McGuire, G. Menicucci, et A. Das, « Proteolytic Degradation of VE-Cadherin Alters the Blood-Retinal Barrier in Diabetes », *Diabetes*, vol. 56, n° 9, p. 2380-2387, sept. 2007, doi: 10.2337/db06-1694.
- [24] A. Das, P. G. McGuire, et S. Ranganam, « Diabetic Macular Edema: Pathophysiology and Novel Therapeutic Targets », *Ophthalmology*, vol. 122, n° 7, p. 1375-1394, juill. 2015, doi: 10.1016/j.ophtha.2015.03.024.
- [25] L. Guariguata, D. Whiting, C. Weil, et N. Unwin, « The International Diabetes Federation diabetes atlas methodology for estimating global and national prevalence of diabetes in adults », *Diabetes Res. Clin. Pract.*, vol. 94, n° 3, p. 322-332, déc. 2011, doi: 10.1016/j.diabres.2011.10.040.
- [26] « IDF DIABETES ATLAS.pdf ».
- [27] J. W. Y. Yau *et al.*, « Global Prevalence and Major Risk Factors of Diabetic Retinopathy », *Diabetes Care*, vol. 35, n° 3, p. 556-564, mars 2012, doi: 10.2337/dc11-1909.
- [28] A. Girach et H. Lund-Andersen, « Diabetic macular oedema: a clinical overview: Diabetic macular oedema », *Int. J. Clin. Pract.*, vol. 61, n° 1, p. 88-97, janv. 2007, doi: 10.1111/j.1742-1241.2006.01211.x.
- [29] R. Williams, M. Airey, H. Baxter, J. Forrester, T. Kennedy-Martin, et A. Girach, « Epidemiology of diabetic retinopathy and macular oedema: a systematic review », *Eye*, vol. 18, n° 10, p. 963-983, oct. 2004, doi: 10.1038/sj.eye.6701476.
- [30] J. M. Lopes de Faria, A. E. Jalkh, C. L. Trempe, et J. W. Mcmeel, « Diabetic macular edema, Risk factors and concomitants: Diabetic macular edema, Risk factors and concomitants », *Acta Ophthalmol. Scand.*, vol. 77, n° 2, p. 170-175, avr. 1999, doi: 10.1034/j.1600-0420.1999.770211.x.
-

- [31] D. A. Chronopoulos, D. Roquelaure, P. Jacquier, G. Souteyrand, et M. Matter, « Prise en charge de la rétinopathie diabétique : un combat pour la vue », *Rev. MÉDICALE SUISSE*, p. 6, 2015.
- [32] T. Otani et S. Kishi, « Correlation between Optical Coherence Tomography and Fluorescein Angiography Findings in Diabetic Macular Edema », *Ophthalmology*, vol. 114, n° 1, p. 104-107, janv. 2007, doi: 10.1016/j.ophtha.2006.06.044.
- [33] Disponible sur le site Web: <https://sites.google.com/site/obeluwa/research/oct/introduction-to-oct?tmpl=%2Fsystem%2Fapp%2Ftemplates%2Fprint%2F&showPrintDialog=1>, consulté le: 28/02/2022.
- [34] S. Aumann, S. Donner, J. Fischer, et F. Müller, « Optical Coherence Tomography (OCT): Principle and Technical Realization », in *High Resolution Imaging in Microscopy and Ophthalmology*, J. F. Bille, Éd. Cham: Springer International Publishing, 2019, p. 59-85. doi: 10.1007/978-3-030-16638-0\_3.
- [35] D. Huang *et al.*, « Optical Coherence Tomography », p. 12, 2015.
- [36] A. F. Fercher, W. Drexler, C. K. Hitzenberger, et T. Lasser, « Optical coherence tomography—principles and applications », p. 66.
- [37] A. F. Fercher, C. K. Hitzenberger, G. Kamp, et S. Y. El-Zaiat, « Measurement of intraocular distances by backscattering spectral interferometry », *Opt. Commun.*, vol. 117, n° 1-2, p. 43-48, mai 1995, doi: 10.1016/0030-4018(95)00119-S.
- [38] L. Zhang, W. Zhu, F. Shi, H. Chen, et X. Chen, « Automated segmentation of intraretinal cystoid macular edema for retinal 3D OCT images with macular hole », in *2015 IEEE 12th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, Brooklyn, NY, USA, avr. 2015, p. 1494-1497. doi: 10.1109/ISBI.2015.7164160.
- [39] M. R. Hee. Optical Coherence Tomography of the eye. PhD thesis, Massachusetts Institute of Technology, 1997.
- [40] H. Ishikawa, D. M. Stein, G. Wollstein, S. Beaton, J. G. Fujimoto, et J. S. Schuman, « Macular Segmentation with Optical Coherence Tomography », *Investig. Ophthalmology Vis. Sci.*, vol. 46, n° 6, p. 2012, juin 2005, doi: 10.1167/iovs.04-0335.
- [41] T. Zhang *et al.*, « Fast retinal layer segmentation of spectral domain optical coherence tomography images », *J. Biomed. Opt.*, vol. 20, n° 9, p. 096014, sept. 2015, doi: 10.1117/1.JBO.20.9.096014.
- [42] O. Tan, G. Li, A. T.-H. Lu, R. Varma, et D. Huang, « Mapping of Macular Substructures with Optical Coherence Tomography for Glaucoma Diagnosis », *Ophthalmology*, vol. 115, n° 6, p. 949-956, juin 2008, doi: 10.1016/j.ophtha.2007.08.011.
- [43] A. Lang *et al.*, « Retinal layer segmentation of macular OCT images using boundary classification », *Biomed. Opt. Express*, vol. 4, n° 7, p. 1133, juill. 2013, doi: 10.1364/BOE.4.001133.
- [44] S. J. Chiu, X. T. Li, P. Nicholas, C. A. Toth, J. A. Izatt, et S. Farsiu, « Automatic segmentation of seven retinal layers in SDOCT images congruent with expert manual segmentation », *Opt. Express*, vol. 18, n° 18, p. 19413, août 2010, doi: 10.1364/OE.18.019413.

- [45] M. Mujat *et al.*, « Retinal nerve fiber layer thickness map determined from optical coherence tomography images », *Opt. Express*, vol. 13, n° 23, p. 9480, nov. 2005, doi: 10.1364/OPEX.13.009480.
- [46] Z. Gao, W. Bu, Y. Zheng, et X. Wu, « Automated layer segmentation of macular OCT images via graph-based SLIC superpixels and manifold ranking approach », *Comput. Med. Imaging Graph.*, vol. 55, p. 42-53, janv. 2017, doi: 10.1016/j.compmedimag.2016.07.006.
- [47] S. Roychowdhury, D. D. Koozekanani, S. Radwan, et K. K. Parhi, « Automated localization of cysts in diabetic macular edema using optical coherence tomography images », in *2013 35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*, Osaka, juill. 2013, p. 1426-1429. doi: 10.1109/EMBC.2013.6609778.
- [48] M. Baroni, P. Fortunato, et A. La Torre, « Towards quantitative analysis of retinal features in optical coherence tomography », *Med. Eng. Phys.*, vol. 29, n° 4, p. 432-441, mai 2007, doi: 10.1016/j.medengphy.2006.06.003.
- [49] S. Lu, C. Y. Cheung, J. Liu, J. H. Lim, C. K. Leung, et T. Y. Wong, « Automated Layer Segmentation of Optical Coherence Tomography Images », *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 57, n° 10, p. 2605-2608, oct. 2010, doi: 10.1109/TBME.2010.2055057.
- [50] P. Perona et J. Malik, « Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion », *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 12, n° 7, p. 629-639, juill. 1990, doi: 10.1109/34.56205.
- [51] V. Kajić, M. Esmaelpour, B. Považay, D. Marshall, P. L. Rosin, et W. Drexler, « Automated choroidal segmentation of 1060 nm OCT in healthy and pathologic eyes using a statistical model », *Biomed. Opt. Express*, vol. 3, n° 1, p. 86, janv. 2012, doi: 10.1364/BOE.3.000086.
- [52] M. Shen *et al.*, « Agreement of Corneal Epithelial Profiles Produced by Automated Segmentation of SD-OCT Images Having Different Optical Resolutions », *Eye Contact Lens Sci. Clin. Pract.*, vol. 40, n° 2, p. 99-105, mars 2014, doi: 10.1097/ICL.0000000000000017.
- [53] Itebeddine Ghorbel, Florence Rossant, Isabelle Bloch, Michel Pâques et Sarah Tick, « Segmentation des couches rétinienne dans des images OCT : méthode et évaluation quantitative », MajecSTIC, Avignon, France, no 25, p. 8, du 16 au 18 novembre 2009 .
- [54] D. Cabrera Fernández, H. M. Salinas, et C. A. Puliafito, « Automated detection of retinal layer structures on optical coherence tomography images », *Opt. Express*, vol. 13, n° 25, p. 10200, déc. 2005, doi: 10.1364/OPEX.13.010200.
- [55] D. C. Fernandez, « Delineating fluid-filled region boundaries in optical coherence tomography images of the retina », *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 24, n° 8, p. 929-945, août 2005, doi: 10.1109/TMI.2005.848655.
- [56] K. Yu, F. Shi, E. Gao, W. Zhu, H. Chen, et X. Chen, « Shared-hole graph search with adaptive constraints for 3D optic nerve head optical coherence tomography image segmentation », *Biomed. Opt. Express*, vol. 9, n° 3, p. 962, mars 2018, doi: 10.1364/BOE.9.000962.
- [57] Z. Sun *et al.*, « An automated framework for 3D serous pigment epithelium detachment segmentation in SD-OCT images », *Sci. Rep.*, vol. 6, n° 1, p. 21739, févr. 2016, doi: 10.1038/srep21739.



- 
- [58] D. Fu, H. Tong, S. Zheng, L. Luo, F. Gao, et J. Minar, « Retinal status analysis method based on feature extraction and quantitative grading in OCT images », *Biomed. Eng. OnLine*, vol. 15, n° 1, p. 87, déc. 2016, doi: 10.1186/s12938-016-0206-x.
- [59] J. Portilla, V. Strela, M. J. Wainwright, et E. P. Simoncelli, « Image denoising using scale mixtures of gaussians in the wavelet domain », *IEEE Trans. Image Process.*, vol. 12, n° 11, p. 1338-1351, nov. 2003, doi: 10.1109/TIP.2003.818640.
- [60] A. Buades, B. Coll, et J. M. Morel, « A Review of Image Denoising Algorithms, with a New One », *Multiscale Model. Simul.*, vol. 4, n° 2, p. 490-530, janv. 2005, doi: 10.1137/040616024.
- [61] R. Bernardes, C. Maduro, P. Serranho, A. Araújo, S. Barbeiro, et J. Cunha-Vaz, « Improved adaptive complex diffusion despeckling filter », *Opt. Express*, vol. 18, n° 23, p. 24048, nov. 2010, doi: 10.1364/OE.18.024048.
- [62] R. Kafieh, H. Rabbani, et I. Selesnick, « Three Dimensional Data-Driven Multi Scale Atomic Representation of Optical Coherence Tomography », *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 34, n° 5, p. 1042-1062, mai 2015, doi: 10.1109/TMI.2014.2374354.
- [63] J. Portilla, V. Strela, M. J. Wainwright, et E. P. Simoncelli, « Image denoising using scale mixtures of gaussians in the wavelet domain », *IEEE Trans. Image Process.*, vol. 12, n° 11, p. 1338-1351, nov. 2003, doi: 10.1109/TIP.2003.818640.
- [64] F. Müller et R. Creutzburg, « Automated segmentation of ophthalmological OCT images », *Electron. Imaging*, vol. 29, n° 6, p. 102-111, janv. 2017, doi: 10.2352/ISSN.2470-1173.2017.6.MOBMU-307.
- [65] N. Srinath, A. Patil, V. K. Kumar, S. Jana, J. Chhablani, et A. Richhariya, « Automated detection of choroid boundary and vessels in optical coherence tomography images », in *2014 36th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, Chicago, IL, août 2014, p. 166-169. doi: 10.1109/EMBC.2014.6943555.
- [66] P. P. Srinivasan *et al.*, « Fully automated detection of diabetic macular edema and dry age-related macular degeneration from optical coherence tomography images », *Biomed. Opt. Express*, vol. 5, n° 10, p. 3568, oct. 2014, doi: 10.1364/BOE.5.003568.
- [67] A. S, « Classification of Retinal Pathologies using Convolutional Neural Network », *Int. J. Adv. Trends Comput. Sci. Eng.*, vol. 9, n° 3, p. 3865-3869, juin 2020, doi: 10.30534/ijatcse/2020/205932020.
- [68] J. G. Fujimoto, C. Pitris, S. A. Boppart, et M. E. Brezinski, « Optical Coherence Tomography: An Emerging Technology for Biomedical Imaging and Optical Biopsy », *Neoplasia*, vol. 2, n° 1-2, p. 9-25, janv. 2000, doi: 10.1038/sj.neo.7900071.
- [69] S. Aumann, S. Donner, J. Fischer, et F. Müller, « Optical Coherence Tomography (OCT): Principle and Technical Realization », in *High Resolution Imaging in Microscopy and Ophthalmology*, J. F. Bille, Éd. Cham: Springer International Publishing, 2019, p. 59-85. doi: 10.1007/978-3-030-16638-0\_3.
- [70] Y. Barak, M. A. Ihnen, et S. Schaal, « Spectral Domain Optical Coherence Tomography in the Diagnosis and Management of Vitreoretinal Interface Pathologies », *J. Ophthalmol.*, vol. 2012, p. 1-7, 2012, doi: 10.1155/2012/876472.
-

- 
- [71] L. Terry *et al.*, « Automated Retinal Layer Segmentation Using Spectral Domain Optical Coherence Tomography: Evaluation of Inter-Session Repeatability and Agreement between Devices », *PLOS ONE*, vol. 11, n° 9, p. e0162001, sept. 2016, doi: 10.1371/journal.pone.0162001.
- [72] V. Alex, T. Motevasseli, W. R. Freeman, J. A. Jayamon, D.-U. G. Bartsch, et S. Borooah, « Assessing the validity of a cross-platform retinal image segmentation tool in normal and diseased retina », *Sci. Rep.*, vol. 11, n° 1, p. 21784, déc. 2021, doi: 10.1038/s41598-021-01105-9.
- [73] U. E. K. Wolf-Schnurrbusch *et al.*, « Macular Thickness Measurements in Healthy Eyes Using Six Different Optical Coherence Tomography Instruments », *Investig. Ophthalmology Vis. Sci.*, vol. 50, n° 7, p. 3432, juill. 2009, doi: 10.1167/iovs.08-2970.
- [74] N. M. Buchser *et al.*, « Comparison of Retinal Nerve Fiber Layer Thickness Measurement Bias and Imprecision across Three Spectral-Domain Optical Coherence Tomography Devices », *Investig. Ophthalmology Vis. Sci.*, vol. 53, n° 7, p. 3742, juin 2012, doi: 10.1167/iovs.11-8432.
- [75] Y. Chopovska, M. Jaeger, R. Rambow, et B. Lorenz, « Comparison of Central Retinal Thickness in Healthy Children and Adults Measured with the Heidelberg Spectralis OCT and the Zeiss Stratus OCT 3 », *Ophthalmologica*, vol. 225, n° 1, p. 27-36, 2011, doi: 10.1159/000316693.
- [76] Hee, MR., Izatt, JA., Swanson, EA., Huang, D., Schuman, JS., Lin, CP., Puliafito, CA. & Fujimoto, JG. (1995a). Optical coherence tomography of the human retina. *Arch. Ophthalmol.* 113, 325-32
- [77] George, A., Dillenseger, JA., Weber, A. & Pechereau, A. (2000). Optical coherence tomography image processing. *Investigat. Ophthalmol. Vis.Sci.*, vol. 41, pp. S173–S173.
- [78] D. Koozekanani, K. Boyer, et C. Roberts, « Retinal thickness measurements from optical coherence tomography using a Markov boundary model », *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 20, n° 9, p. 900-916, sept. 2001, doi: 10.1109/42.952728.
- [79] M. Shahidi, Z. Wang, et R. Zelkha, « Quantitative Thickness Measurement of Retinal Layers Imaged by Optical Coherence Tomography », *Am. J. Ophthalmol.*, vol. 139, n° 6, p. 1056-1061, juin 2005, doi: 10.1016/j.ajo.2005.01.012.
- [80] A. M. Bagci, M. Shahidi, R. Ansari, M. Blair, N. P. Blair, et R. Zelkha, « Thickness Profiles of Retinal Layers by Optical Coherence Tomography Image Segmentation », *Am. J. Ophthalmol.*, vol. 146, n° 5, p. 679-687.e1, nov. 2008, doi: 10.1016/j.ajo.2008.06.010.
- [81] T. Fabritius, S. Makita, M. Miura, R. Myllylä, et Y. Yasuno, « Automated segmentation of the macula by optical coherence tomography », *Opt. Express*, vol. 17, n° 18, p. 15659, août 2009, doi: 10.1364/OE.17.015659.
- [82] Q. Yang *et al.*, « Automated layer segmentation of macular OCT images using dual-scale gradient information », *Opt. Express*, vol. 18, n° 20, p. 21293, sept. 2010, doi: 10.1364/OE.18.021293.
- [83] A. Yazdanpanah, G. Hamarneh, B. Smith, et M. Sarunic, « Intra-retinal Layer Segmentation in Optical Coherence Tomography Using an Active Contour Approach », in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2009*, vol. 5762, G.-Z. Yang, D. Hawkes, D. Rueckert, A. Noble, et C. Taylor, Éd. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2009, p. 649-656. doi: 10.1007/978-3-642-04271-3\_79.
-

- 
- [84] A. Mishra, A. Wong, K. Bizheva, et D. A. Clausi, « Intra-retinal layer segmentation in optical coherence tomography images », *Opt. Express*, vol. 17, n° 26, p. 23719, déc. 2009, doi: 10.1364/OE.17.023719.
- [85] J. Chhablani, T. Krishnan, V. Sethi, et I. Kozak, « Artifacts in optical coherence tomography », *Saudi J. Ophthalmol.*, vol. 28, n° 2, p. 81-87, avr. 2014, doi: 10.1016/j.sjopt.2014.02.010.
- [86] réf: <https://perso.telecom-paristech.fr/tupin/PUB/resume120201.pdf>
- [87] P. Romero-Aroca, « Current status in diabetic macular edema treatments », *World J. Diabetes*, vol. 4, n° 5, p. 165, 2013, doi: 10.4239/wjd.v4.i5.165.
- [88] R. R. A. Bourne *et al.*, « Prevalence and causes of vision loss in high-income countries and in Eastern and Central Europe: 1990–2010 », *Br. J. Ophthalmol.*, vol. 98, n° 5, p. 629-638, mai 2014, doi: 10.1136/bjophthalmol-2013-304033.
- [89] C. Bowes Rickman, S. Farsiu, C. A. Toth, et M. Klingeborn, « Dry Age-Related Macular Degeneration: Mechanisms, Therapeutic Targets, and Imaging », *Investig. Ophthalmology Vis. Sci.*, vol. 54, n° 14, p. ORSF68, déc. 2013, doi: 10.1167/iovs.13-12757.
- [90] T. A. Ciulla, A. G. Amador, et B. Zinman, « Diabetic Retinopathy and Diabetic Macular Edema », *DIABETES CARE*, vol. 26, n° 9, p. 12, 2003.
- [91] S. Farsiu *et al.*, « Quantitative Classification of Eyes with and without Intermediate Age-related Macular Degeneration Using Optical Coherence Tomography », *Ophthalmology*, vol. 121, n° 1, p. 162-172, janv. 2014, doi: 10.1016/j.ophtha.2013.07.013.
- [92] G. Gregori *et al.*, « Spectral Domain Optical Coherence Tomography Imaging of Drusen in Nonexudative Age-Related Macular Degeneration », *Ophthalmology*, p. S016164201001184X, mars 2011, doi: 10.1016/j.ophtha.2010.11.013.
- [93] M. K. Garvin, M. D. Abramoff, Xiaodong Wu, S. R. Russell, T. L. Burns, et M. Sonka, « Automated 3-D Intraretinal Layer Segmentation of Macular Spectral-Domain Optical Coherence Tomography Images », *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 28, n° 9, p. 1436-1447, sept. 2009, doi: 10.1109/TMI.2009.2016958.
- [94] Kyungmoo Lee, M. Niemeijer, M. K. Garvin, Y. H. Kwon, M. Sonka, et M. D. Abramoff, « Segmentation of the Optic Disc in 3-D OCT Scans of the Optic Nerve Head », *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 29, n° 1, p. 159-168, janv. 2010, doi: 10.1109/TMI.2009.2031324.
- [95] X. Sui, H. Ishikawa, I. W. Selesnick, G. Wollstein, et J. S. Schuman, « Speckle noise reduction in OCT and projection images using hybrid wavelet thresholding », in *2018 IEEE Signal Processing in Medicine and Biology Symposium (SPMB)*, Philadelphia, PA, déc. 2018, p. 1-6. doi: 10.1109/SPMB.2018.8615623.
- [96] J. M. Schmitt, S. H. Xiang, et K. M. Yung, « SPECKLE IN OPTICAL COHERENCE TOMOGRAPHY », p. 11.
- [97] D. Xiang *et al.*, « Automatic Segmentation of Retinal Layer in OCT Images With Choroidal Neovascularization », *IEEE Trans. Image Process.*, vol. 27, n° 12, p. 5880-5891, déc. 2018, doi: 10.1109/TIP.2018.2860255.
-

- [98] S. K. Devalla *et al.*, « DRUNET: a dilated-residual U-Net deep learning network to segment optic nerve head tissues in optical coherence tomography images », *Biomed. Opt. Express*, vol. 9, n° 7, p. 3244, juill. 2018, doi: 10.1364/BOE.9.003244.
- [99] K. W. Gossage, T. S. Tkaczyk, J. J. Rodriguez, et J. K. Barton, « Texture analysis of optical coherence tomography images: feasibility for tissue classification », *J. Biomed. Opt.*, vol. 8, n° 3, p. 570, 2003, doi: 10.1117/1.1577575.
- [100] A. S. G. Singh, T. Schmoll, et R. A. Leitgeb, « Segmentation of Doppler optical coherence tomography signatures using a support-vector machine », *Biomed. Opt. Express*, vol. 2, n° 5, p. 1328, mai 2011, doi: 10.1364/BOE.2.001328.
- [101] C. A. Lingley-Papadopoulos, M. H. Loew, M. J. Manyak, et J. M. Zara, « Computer recognition of cancer in the urinary bladder using optical coherence tomography and texture analysis », *J. Biomed. Opt.*, vol. 13, n° 2, p. 024003, 2008, doi: 10.1117/1.2904987.
- [102] R. Kafieh, H. Rabbani, et S. Kermani, « A Review of Algorithms for Segmentation of Optical Coherence Tomography from Retina », *J. Med. Signals Sens.*, vol. 3, n° 1, p. 45, 2013, doi: 10.4103/2228-7477.114321.
- [103] « Statistical Analysis of Gaussian Filter of SAR dataset of radarsat-2 satellite for speckle noise reduction.pdf ».
- [104] S. Bharati, T. Z. Khan, P. Podder, et N. Q. Hung, « A Comparative Analysis of Image Denoising Problem: Noise Models, Denoising Filters and Applications », in *Cognitive Internet of Medical Things for Smart Healthcare*, vol. 311, A. E. Hassanien, A. Khamparia, D. Gupta, K. Shankar, et A. Slowik, Éd. Cham: Springer International Publishing, 2021, p. 49-66. doi: 10.1007/978-3-030-55833-8\_3.
- [105] Z. M. Ramadan, « Effect of kernel size on Wiener and Gaussian image filtering », *TELKOMNIKA Telecommun. Comput. Electron. Control*, vol. 17, n° 3, p. 1455, juin 2019, doi: 10.12928/telkomnika.v17i3.11192.
- [106] T. W. Sawyer, P. F. S. Rice, D. M. Sawyer, J. W. Koevary, et J. K. Barton, « Evaluation of segmentation algorithms for optical coherence tomography images of ovarian tissue », *J. Med. Imaging*, vol. 6, n° 01, p. 1, janv. 2019, doi: 10.1117/1.JMI.6.1.014002.
- [107] J. Shi et J. Malik, « Normalized Cuts and Image Segmentation », p. 7.
- [108] D. Alonso-Caneiro, S. A. Read, et M. J. Collins, « Automatic segmentation of choroidal thickness in optical coherence tomography », *Biomed. Opt. Express*, vol. 4, n° 12, p. 2795, déc. 2013, doi: 10.1364/BOE.4.002795.
- [109] E. W. DrrKsrRA, « A Note on Two Problems in Connexion with Graphs », p. 3.
- [110] J. S. Schuman *et al.*, « Reproducibility of Nerve Fiber Layer Thickness Measurements Using Optical Coherence Tomography », *Ophthalmology*, vol. 103, no 11, p. 1889-1898, Nov. 1996, doi: 10.1016/S0161-6420(96)30410-7.
- [111] A. Weymouth, « Optical Coherence Tomography of Ocular Diseases 3<sup>rd</sup> Edition », *Clinical and Experimental Optometry*, vol. 97, no 2, p. 192-192, mars 2014, doi: 10.1111/cxo.12134.

- [112] G. Virgili et al., « Optical coherence tomography (OCT) for detection of macular oedema in patients with diabetic retinopathy », *Cochrane Database of Systematic Reviews*, janv. 2015, doi: 10.1002/14651858.CD008081.pub3.
- [113] P. A. Keane, P. J. Patel, S. Liakopoulos, F. M. Heussen, S. R. Sadda, et A. Tufail, « Evaluation of Age-related Macular Degeneration With Optical Coherence Tomography », *Survey of Ophthalmology*, vol. 57, n° 5, p. 389-414, sept. 2012, doi: 10.1016/j.survophthal.2012.01.006.
- [114] S. Khalid, M. U. Akram, T. Hassan, A. Jameel, et T. Khalil, « Automated Segmentation and Quantification of Drusen in Fundus and Optical Coherence Tomography Images for Detection of ARMD », *J Digit Imaging*, vol. 31, no 4, p. 464-476, août 2018, doi: 10.1007/s10278-017-0038-7.
- [115] L. Zhang et al., « Validity of Automated Choroidal Segmentation in SS-OCT and SD-OCT », *Invest. Ophthalmol. Vis. Sci.*, vol. 56, n° 5, p. 3202, mai 2015, doi: 10.1167/iovs.14-15669.
- [116] P. Bhargava et al., « Applying an Open-Source Segmentation Algorithm to Different OCT Devices in Multiple Sclerosis Patients and Healthy Controls: Implications for Clinical Trials », *Multiple Sclerosis International*, vol. 2015, p. 1-10, 2015, doi: 10.1155/2015/136295.
- [117] A. Stankiewicz, T. Marciniak, A. Dąbrowski, M. Stopa, P. Rakowicz, et E. Marciniak, « Improving Segmentation of 3D Retina Layers Based on Graph Theory Approach for Low Quality OCT Images », *Metrology and Measurement Systems*, vol. 23, no 2, p. 269-280, juin 2016, doi: 10.1515/mms-2016-0016.
- [118] Ben khelfallah Amel, MESSADI Mahammed, LAZOUNI Mohamed El Amine, and BESSAID Abdelhafid, «Age-related macular degeneration identification based on HRC layers analyses in OCT images», *Int. J. Biomedical Engineering and Technology*, 2020
- [119] D. Arthur and S. Vassilvitskii, « k-means++: The Advantages of Careful Seeding », [Online]. Available: <https://theory.stanford.edu/~sergei/papers/kMeansPP-soda.pdf>
- [120] C.A. Boiangiu and R. Ioanitu, « Voting Based Image Segmentation », *Journal of Information Systems & Operations Management*, vol. 7 no. 2, December 2013.
- [121] J. Macqueen, « Some Methods For Classification And Analysis Of Multivariate Observations », *MULTIVARIATE OBSERVATIONS, Proceedings of 5-th Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*, Berkeley, University of California Press, 1:281-297. 1967
- [122] Paul S Bradley and Usama M Fayyad, « Refining initial points for k-means clustering », In *ICML*, vol 98, p. 91-99. Citeseer, 1998.
- [123] M. Laszlo et S. Mukherjee, « A genetic algorithm that exchanges neighboring centers for k-means clustering », *Pattern Recognition Letters*, vol. 28, no 16, p. 2359-2366, déc. 2007, doi: 10.1016/j.patrec.2007.08.006.
- [124] J. F. Lu, J. B. Tang, Z. M. Tang, et J. Y. Yang, « Hierarchical initialization approach for K-Means clustering », *Pattern Recognition Letters*, vol. 29, no 6, p. 787-795, avr. 2008, doi: 10.1016/j.patrec.2007.12.009.

- 
- [125] X. Qin, S. Zheng, « A New Method for Initialising the K-Means Clustering Algorithm », *Second International Symposium on Knowledge Acquisition and Modeling*, Wuhan, China, p. 41-44, 2009. doi: 10.1109/KAM.2009.20.
- [126] S. J. Redmond, C. Heneghan, « A method for initialising the K-means clustering algorithm using kd-trees », *Pattern Recognition Letters*, vol. 28, no 8, p. 965-973, juin 2007, doi: 10.1016/j.patrec.2007.01.001.
- [127] S. Bandyopadhyay, U. Maulik, et M. K. Pakhira, « CLUSTERING USING SIMULATED ANNEALING WITH PROBABILISTIC REDISTRIBUTION », *Int. J. Patt. Recogn. Artif. Intell.*, vol. 15, no 02, p. 269-285, mars 2001, doi: 10.1142/S0218001401000927.
- [128] Scott Kirkpatrick, C Daniel Gelatt, et Mario P Vecchi, « Optimization by simulated annealing », *science*, 220(4598):671-680, 1983.
- [129] John Holland, «Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with application to biology», *Control and artificial intelligence*, 1975.
- [130] BinLu, Fangyuan Ju, «An optimized genetic K-means clustering algorithm», *International Conference on Computer Science and Information Processing (CSIP)*, Xi'an, Shaanxi, 24-26 Aug 2012, 10.1109/CSIP.2012.6309099.
- [131] S. P. K. Karri, D. Chakraborty, et J. Chatterjee, « Transfer learning based classification of optical coherence tomography images with diabetic macular edema and dry age-related macular degeneration », *Biomed. Opt. Express*, vol. 8, no 2, p. 579, févr. 2017, doi: 10.1364/BOE.8.000579.
- [132] M. Lebrun, « An Analysis and Implementation of the BM3D Image Denoising Method », *Image Processing On Line*, vol. 2, p. 175-213, août 2012, doi: 10.5201/ipol.2012.1-bm3d.
- [133] M. Suroliya, V. S. Dhaka, R. C. Poonia, « Metaheuristics for Communication Protocols: Overview and Conceptual Comparison », *International Journal of Advanced Research in Computer Science and Software En gineering*, Vol 4, no 3, p. 353-360, 2014.
- [134] C.R. REEVES (Ed.) « Modern heuristic techniques for combinatorial problems », *Blackwell Scientific Publications*, Oxford, 1993.
- [135] E.H.L. AARTS, J.K. LENSTRA (Eds.), « Local search in combinatorial optimization », *John Wiley & Sons*, 1997.
- [136] Disponible sur le site web (<https://rocreguant.com/roulette-wheel-selection-python/2019/>).
- [137] « Genetic Algorithm TOOLBOX.pdf ».
- [138] S. M. Lim, «Crossover and mutation operators of real coded genetic algorithms for global optimization problems », *unpublished Ph.D thesis*, University Putra Malaysia, Malaysia, 2016.
-

- [139] L. Booker, «Improving search in genetic algorithms », *In Genetic Algorithms and Simulated Annealing*, L. Davis (Ed.), pp. 61-73, Morgan Kaufmann Publishers, 1987.
- [140] S. M. Lim, A. B. Md. Sultan, Md. N. Sulaiman, A. Mustapha, et K. Y., « Crossover and Mutation Operators of Genetic Algorithms », *International Journal of Machine Learning and Computing*, Leong, University Malaysia of Computer Science and Engineering, vol. 7, no 1, p. 9-12, févr. 2017, doi: 10.18178/ijmlc.2017.7.1.611.
- [141] Goldberg, D.E., Holland, J.H. Genetic Algorithms and Machine Learning. *Machine Learning* 3, 95–99 (1988). <https://doi.org/10.1023/A:1022602019183>.
- [142] S. Kothari, J. H. Phan, T. H. Stokes, et M. D. Wang, « Pathology imaging informatics for quantitative analysis of whole-slide images », *J Am Med Inform Assoc*, vol. 20, no 6, p. 1099-1108, nov. 2013, doi: 10.1136/amiajnl-2012-001540.
- [143] T. T. Brunyé, E. Mercan, D. L. Weaver, et J. G. Elmore, « Accuracy is in the eyes of the pathologist: The visual interpretive process and diagnostic accuracy with digital whole slide images », *Journal of Biomedical Informatics*, vol. 66, p. 171-179, févr. 2017, doi: 10.1016/j.jbi.2017.01.004.
- [144] R. Li and J. Huang, « Fast regions-of-interest detection in whole slide histopathology images », in *International Workshop on Patch-based Techniques in Medical Imaging*, pp. 120-127,2015.
- [145] T. Qaiser, Y.-W. Tsang, D. Epstein, and N. Rajpoot, « Tumor segmentation in whole slide images using persistent homology and deep convolutional features », in *Annual Conference on Medical Image Understanding and Analysis*, pp. 320-329, 2017.
- [146] S. Mehta, E. Mercan, J. Bartlett, D. Weaver, J. Elmore, and L. Shapiro, « Learning to segment breast biopsy whole slide images »,in *2018 IEEE Winter Conference on Applications of Computer Vision (WACV)*, pp. 663-672, 2018.
- [147] R. P. Finger *et al.*, « Reticular Pseudodrusen », *Ophthalmology*, vol. 121, n° 6, p. 1252-1256, juin 2014, doi: 10.1016/j.ophtha.2013.12.034.
- [148] Q. Zhou *et al.*, « Pseudodrusen and Incidence of Late Age-Related Macular Degeneration in Fellow Eyes in the Comparison of Age-Related Macular Degeneration Treatments Trials », *Ophthalmology*, vol. 123, n° 7, p. 1530-1540, juill. 2016, doi: 10.1016/j.ophtha.2016.02.043.
- [149] M. Nassisi *et al.*, « Quantity of Intraretinal Hyperreflective Foci in Patients With Intermediate Age-Related Macular Degeneration Correlates With 1-Year Progression », *Invest. Ophthalmol. Vis. Sci.*, vol. 59, n° 8, p. 3431, juill. 2018, doi: 10.1167/iovs.18-24143.
- [150] J. Lei, S. Balasubramanian, N. S. Abdelfattah, M. G. Nittala, et S. R. Sadda, « Proposal of a simple optical coherence tomography-based scoring system for progression of age-related macular degeneration », *Graefes Arch Clin Exp Ophthalmol*, vol. 255, n° 8, p. 1551-1558, août 2017, doi: 10.1007/s00417-017-3693-y.

- [151] G. Trichonas et P. K. Kaiser, « Optical coherence tomography imaging of macular oedema », *Br J Ophthalmol*, vol. 98, n° Suppl 2, p. ii24-ii29, juill. 2014, doi: 10.1136/bjophthalmol-2014-305305.
- [152] A. Markan, A. Agarwal, A. Arora, K. Bazgain, V. Rana, et V. Gupta, « Novel imaging biomarkers in diabetic retinopathy and diabetic macular edema », *Ophthalmol Eye Dis*, vol. 12, p. 251584142095051, janv. 2020, doi: 10.1177/2515841420950513.
- [153] H. Nguyen, S. J. Louis, et T. Nguyen, « MGKA: A genetic algorithm-based clustering technique for genomic data », in *2019 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)*, Wellington, New Zealand, juin 2019, p. 103-110. doi: 10.1109/CEC.2019.8790225.
- [154] D. L. Davies et D. W. Bouldin, « A Cluster Separation Measure », *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. PAMI-1, n° 2, p. 224-227, avr. 1979, doi: 10.1109/TPAMI.1979.4766909.
- [155] Laleh Armi, Shervan Fekri-Ershad, « TEXTURE IMAGE ANALYSIS AND TEXTURE CLASSIFICATION METHODS - A REVIEW », *International Online Journal of Image Processing and Pattern Recognition*, vol. 2, p. 29, 2019.
- [156] Yugesh Verma, « What Is Texture Analysis In Computer Vision? », *IN DEVELOPERS CORNER*, December 9, 2021.
- [157] R. Bala, « Survey on Texture Feature Extraction Methods », *International Journal of Engineering Science and Computing*, vol. 7, no 4, p. 10375-10377, 2017.
- [158] Haralick RM, « Shanmugam K, Dinstein I. Textural features for image classification ». *IEEE Trans Syst Man Cybern*, vol 3, no 6, p. 610-621, 1978.
- [159] N. Iqbal, R. Mumtaz, U. Shafi, et S. M. H. Zaidi, « Gray level co-occurrence matrix (GLCM) texture based crop classification using low altitude remote sensing platforms », *PeerJ Computer Science*, vol. 7, p. e536, mai 2021, doi: 10.7717/peerj-cs.536.
- [160] P. K. Mall, P. K. Singh, et D. Yadav, « GLCM Based Feature Extraction and Medical X-RAY Image Classification using Machine Learning Techniques », in *2019 IEEE Conference on Information and Communication Technology*, Allahabad, India, p.1-6, déc. 2019. doi: 10.1109/CICT48419.2019.9066263.
- [161] P. Mohanaiah, P. Sathyanarayana, et L. GuruKumar, « Image Texture Feature Extraction Using GLCM Approach », *International Journal of Scientific and Research Publications*, vol. 3, n° 5, p. 5, 2013.
- [162] T. Adugna, W. Xu, et J. Fan, « Comparison of Random Forest and Support Vector Machine Classifiers for Regional Land Cover Mapping Using Coarse Resolution FY-3C Images », *Remote Sensing*, vol. 14, n° 3, p. 574, janv. 2022, doi: 10.3390/rs14030574.
- [163] D. Shi et X. Yang, « Support Vector Machines for Land Cover Mapping from Remote Sensor Imagery », in *Monitoring and Modeling of Global Changes: A Geomatics Perspective*, Springer Netherlands, p. 265-279, 2015. doi: 10.1007/978-94-017-9813-6\_13.



- [164] G. M. Foody et A. Mathur, « A relative evaluation of multiclass image classification by support vector machines », *IEEE Trans. Geosci. Remote Sensing*, vol. 42, n° 6, p. 1335-1343, juin 2004, doi: 10.1109/TGRS.2004.827257.
- [165] H. Nguyen Duc, I. Kamwa, L.-A. Dessaint, et H. Cao-Duc, « A novel approach for early detection of impending voltage collapse events based on the support vector machine: Early detection of impending voltage collapse events », *Int Trans Electr Energ Syst*, vol. 27, n° 9, p. e2375, sept. 2017, doi: 10.1002/etep.2375.
- [166] A. Statnikov, L. Wang, et C. F. Aliferis, « A comprehensive comparison of random forests and support vector machines for microarray-based cancer classification », *BMC Bioinformatics*, vol. 9, n° 1, p. 319, déc. 2008, doi: 10.1186/1471-2105-9-319.
- [167] R. Saxena, A. Johri, V. Deep, et P. Sharma, « Heart Diseases Prediction System Using CHC-TSS Evolutionary, KNN, and Decision Tree Classification Algorithm », in *Emerging Technologies in Data Mining and Information Security*, vol. 813, A. Abraham, P. Dutta, J. K. Mandal, A. Bhattacharya, et S. Dutta, Éd. Singapore: Springer Singapore, 2019, p. 809-819. doi: 10.1007/978-981-13-1498-8\_71.
- [168] Zhang, H, « The optimality of Naive Bayes », in *Proceedings of 17th International Florida Artificial Intelligence Research Society Conference*, Menlo Park, pp.562-567, 2004.
- [169] W. Jia *et al.*, « A classification algorithm with Linear Discriminant Analysis and Axiomatic Fuzzy Sets », *Mathematical Foundations of Computing*, vol. 2, n° 1, p. 73-81, 2019, doi: 10.3934/mfc.2019006.
- [170] M. A. Hussain *et al.*, « Classification of healthy and diseased retina using SD-OCT imaging and Random Forest algorithm », *PLoS ONE*, vol. 13, n° 6, p. e0198281, juin 2018, doi: 10.1371/journal.pone.0198281.
- [171] M. Sokolova, N. Japkowicz, et S. Szpakowicz, « Beyond Accuracy, F-Score and ROC: A Family of Discriminant Measures for Performance Evaluation », in *AI 2006: Advances in Artificial Intelligence*, vol. 4304, A. Sattar et B. Kang, Éd. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2006, p. 1015-1021. doi: 10.1007/11941439\_114.
- [172] G. Lemaître *et al.*, « Classification of SD-OCT Volumes Using Local Binary Patterns: Experimental Validation for DME Detection », *Journal of Ophthalmology*, p. 1-14, 2016, doi: 10.1155/2016/3298606.
- [173] Alsaih, K. et al., « Classification of SD-OCT volumes with multi pyramids, LBP and hog descriptors: application to DME detections», in 38th IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), IEEE, Orlando, USA, 2016, DOI: 10.1109/EMBC.2016.7590956.
- [174] Sankar, S. et al., « Classification of SD-OCT volumes for DME detection: an anomaly detection approach», in SPIE Medical Imaging, 2016, pp.97852O-97852O, DOI: 10.1117/12.2216215, International Society for Optics and Photonics.
- [175] Albarrak, A. et al., « Age-related macular degeneration identification in volumetric optical coherence tomography using decomposition and local feature extraction», in Proceedings of 2013 International Conference on Medical Image, Understanding and Analysis, 2013, pp.59-64.

- [176] Wang, Y. et al., « Machine learning based detection of age-related macular degeneration (AMD) and diabetic macular edema (DME) from optical coherence tomography (OCT) images», *Biomedical Optics Express*, 2016, Vol. 7, No. 12, pp.4928–4940.