

THÈSE DE DOCTORAT DE L'UNIVERSITÉ PARIS 6

Spécialité
ÉLECTRONIQUE
Présentée

par **Rémi DUBOIS**

pour obtenir le titre de **DOCTEUR de L'UNIVERSITÉ PARIS 6**

Sujet de la thèse :

Application des nouvelles méthodes d'apprentissage à la détection précoce d'anomalies en électrocardiographie

Soutenue le 27 janvier 2004

Devant le jury composé de :

Gérard	Dreyfus	Directeur
Pierre	Maison-Blanche	Rapporteur
Manuel	Samuelides	Rapporteur
Yves	Faisandier	Examineur
Patrick	Gallinari	Examineur
Philippe	Mabo	Examineur
Brigitte	Quenet	Examineur

Sommaire

Sommaire.....	1
Table des matières	3
Introduction	7
Chapitre 1 : Le cœur et l'électrocardiographie	17
Chapitre 2 : Les pathologies cardiaques	31
Chapitre 3 : Détection des ondes QRS.....	55
Chapitre 4 : Analyse de la ligne de base	75
Chapitre 5 : Analyse en composantes principales.....	87
Chapitre 6 : Modélisation des battements cardiaques	111
Chapitre 7 : Classification non supervisée des battements	153
Chapitre 8 : Étiquetage des battements et des ondes caractéristiques	175
Conclusion	195
Bibliographie	199
Annexes	205

Table des matières

Introduction	7
Etat de l'art	8
Objectifs	9
Plan du mémoire	11
Validation des algorithmes	14
Chapitre 1 Le cœur et l'électrocardiographie	17
I Le système cardiovasculaire	17
I.1 La circulation artérielle et veineuse	17
I.2 Le cœur	18
II L'électrocardiographie	21
II.1 Principe de l'électrocardiogramme (ECG)	21
II.2 De l'ECG au Holter	22
II.3 Trace électrique du cœur	24
II.4 Les représentations de l'ECG	25
Chapitre 2 Les pathologies cardiaques	31
I Introduction	31
I.1 Le rythme cardiaque	31
I.2 Le battement cardiaque standard et ses caractéristiques	32
I.3 Extrasystole ventriculaire (ESV)	34
II Diagnostic à partir du rythme	35
II.1 Fréquence	35
II.2 Arythmies, ou troubles de la régularité	39
III Diagnostic à partir des ondes	46
III.1 L'onde P	46
III.2 Le complexe QRS	49
III.3 L'onde T	51
Chapitre 3 Détection des ondes QRS	55
I La détection monopiste	55
I.1 L'Algorithme	57
I.2 Résultats	61
I.3 Conclusion	64

II	Analyse multipiste.....	64
II.1	L'algorithme.....	64
II.2	Résultats	71
Chapitre 4 Analyse de la ligne de base		75
I	Détection de la ligne de base	76
I.1	Motivation	76
I.2	Segmentation du signal en zones	76
I.3	Interpolation et extrapolation	78
I.4	Résultats	79
II	Estimation du bruit	82
II.1	Bruit BF.....	82
II.2	Bruit HF.....	83
Chapitre 5 Analyse en composantes principales		87
I	Objectifs	87
II	Principe de l'analyse en composantes principales.....	89
II.1	Matrice de passage et matrice de covariance	90
II.2	Valeurs propres	92
II.3	Voie principale S_1^{ACP}	93
III	Avantage et limites de la méthode	93
III.1	Avantage.....	93
III.2	Limites de la méthode	94
III.3	Résultat de l'analyse en composantes principales.....	98
IV	La respiration.....	105
IV.1	Expériences	105
IV.2	Résultats	106
Chapitre 6 Modélisation des battements cardiaques		111
I	Objectif de la modélisation.....	112
I.1	Présentation	112
I.2	Objectif.....	113
II	Modélisation classique	113
II.1	Décomposition en ondelettes	114
II.2	Modélisation par un réseau de neurones à fonctions dorsales	119
II.3	Modélisation par un réseau de fonctions radiales de base (RBF pour Radial Basis Function)	122
II.4	Régression orthogonale directe généralisée (GOFR : generalized orthogonal forward regression) par fonctions radiales de base	131
III	Régression orthogonale directe généralisée par fonctions bosses	139
III.1	Définition de la bosse.....	139
III.2	L'algorithme GOFR	140

III.3	Résultats de l'algorithme.....	147
Chapitre 7	Classification non supervisée des battements.....	153
I	Motivations et objectifs.....	153
II	Présentation d'algorithmes existants.....	154
III	Principe général de l'algorithme.....	157
III.1	Caractérisation d'une famille.....	157
III.2	Principe de la classification non supervisée.....	163
IV	Résultats.....	171
IV.1	Homogénéité des familles.....	172
IV.2	Nombre final de familles.....	173
IV.3	Perspectives d'amélioration.....	173
Chapitre 8	Étiquetage des battements et des ondes caractéristiques ..	175
I	Étiquetage <i>N</i> ou <i>V</i> des battements.....	175
I.1	Recherche de l'onde R.....	175
I.2	Méthode d'étiquetage des familles.....	181
II	Étiquetage des ondes.....	182
II.1	Zones caractéristiques.....	182
II.2	Repérage des ondes au niveau de chaque battement.....	186
III	Résultats.....	188
III.1	Tracé de la distance PR.....	189
III.2	Tracé de la distance QT.....	190
III.3	Etude d'un foyer ectopique auriculaire.....	191
III.4	Enregistrement annoté.....	193
Conclusion	195
Perspective pour l'analyse ECG.....		196
Perspective de la méthode.....		197
Bibliographie	199
ANNEXE A	Résultats de la détection des complexes QRS	A-1
I	Avec analyse du bruit / Sans analyse du bruit.....	3
II	Faux positifs (FP).....	5
III	Faux négatifs (FN).....	6

ANNEXE B	Algorithmes d'optimisation sous contraintes	B-1
I	Algorithme du gradient projeté	2
II	Algorithme de BFGS projeté.....	4
III	Conclusion.....	5
ANNEXE C	Hypothèse de similitude du signal S^i et E^i	C-1
ANNEXE D	Résultats de la classification non supervisée	D-1
I	Battement de fusion (label F).....	4
II	Erreurs de classification	5
II.1	Analyse sur une voie unique	5
II.2	Erreur en 2 voies	7
ANNEXE E	Réseau de neurones pour la localisation des bosses modélisant l'onde R	E-1
I	Architecture du réseau	1
II	Base d'apprentissage et base de test.....	2
III	Déroulement de l'apprentissage.....	2
IV	Résultats de l'apprentissage.....	3
IV.1	Critère de mesure de la qualité de l'apprentissage.....	3
IV.2	Résultats sur la base d'apprentissage	4
IV.3	Résultats sur la base de validation.....	5
ANNEXE F	Étiquetage des battements N / V	F-1
I	Arbre de décision.....	1
I.1	Mesure de la position RR de la famille (M_{RR}).....	2
I.2	Mesure des différences d'amplitudes (M_A)	2
I.3	Mesure discrète de la corrélation	3
I.4	Décision.....	3
II	Résultats sur les bases MIT et AHA.....	5
ANNEXE G	Comparaison des résultats	G-1
I	Détection des QRS.....	1
II	Étiquetage N / V.....	2

Introduction

Les maladies cardiovasculaires constituent un problème majeur de santé publique : avec un peu plus de 180 000 décès par an, elles sont la première cause de mortalité en France, soit environ 1 décès sur 3. Les facteurs de risques sont multiples : tabac, sédentarité, obésité, hypertension artérielle, diabète, facteurs génétiques aussi parfois.

En raison de l'ampleur du problème, le ministère de la santé a mis en place en 2002 un plan pluriannuel de réduction des risques préconisant notamment l'éducation, la prévention, et le suivi des patients à risques, *ce qui concerne près de 20 millions de personnes par an.*

Le cœur est l'organe central du système cardiovasculaire : il peut être affecté de nombreuses pathologies qui peuvent soit être bénignes, comme certaines tachycardies par exemple, soit s'avérer très sérieuses, comme l'infarctus du myocarde. Avec l'évolution des techniques, les médecins disposent aujourd'hui d'outils performants pour observer le fonctionnement du muscle cardiaque et dresser ainsi leur diagnostic. Parmi les examens cardiologiques possibles, *l'électrocardiogramme (ECG)* est l'examen le plus couramment effectué, car il est rapide à mettre en place, peu coûteux et surtout *non invasif* donc très peu contraignant pour le patient. Normalement effectué sur un patient au repos en cabinet ou en milieu hospitalier, pendant quelques secondes, l'ECG est très souvent complété par un examen similaire d'une durée de 24 heures appelé « Holter »¹, examen au cours duquel le patient peut vaquer à ses occupations habituelles. Le principal avantage de l'enregistrement Holter par rapport à l'ECG est qu'il permet la détection d'événements sporadiques qui n'interviennent pas nécessairement au cours des quelques secondes de l'enregistrement ECG lorsque le patient est au repos.

L'analyse de tels enregistrements nécessite l'utilisation d'outils de lecture automatique du signal, car la quantité d'information enregistrée en 24 heures est très importante : elle correspond à environ *100 000 battements cardiaques* sur 3 voies d'enregistrements, soit environ *52 millions de points* pour un enregistrement échantillonné à 200Hz. Ces outils de lecture doivent permettre le repérage d'informations pertinentes, et le calcul de paramètres caractéristiques comme le rythme cardiaque ou la fréquence d'occurrence des battements anormaux.

¹ Du nom de son inventeur, Norman Holter, qui a mis au point cette méthode d'enregistrement en 1961 [Holter, 1961]

Cette thèse propose une méthode originale d'analyse de ce type d'enregistrements : on présente ici une stratégie de lecture automatique du signal qui, à partir d'un enregistrement brut de 24 heures permet de repérer les zones « pertinentes » qui sont révélatrices du fonctionnement cardiaque et de ses troubles éventuels. A partir d'un tel repérage, il est possible de calculer courbes et tendances dans le but de fournir une vue globale de l'enregistrement et de rendre ainsi son analyse par le cardiologue rapide et efficace.

Ce travail a fait l'objet d'une collaboration avec la société Ela Medical filiale du groupe pharmaceutique italien SNIA. Principalement connu pour la fabrication de stimulateurs cardiaques (pacemakers), elle propose depuis de nombreuses années une gamme complète d'équipements Holter comprenant des appareils enregistreurs et des logiciels d'analyse.

Etat de l'art

Les logiciels d'analyse des enregistrements Holter disponibles aujourd'hui^{II} permettent déjà une analyse performante du *rythme cardiaque* : l'onde R de chaque battement (onde de plus grande amplitude de l'ECG, qui traduit la dépolarisation des cellules des ventricules cardiaques) est précisément repérée, ce qui permet de *détecter les principaux troubles du rythme*.

De plus *l'analyse de la forme de l'onde R* permet de distinguer les battements d'origine sinusale de ceux d'origine ventriculaire.

En revanche, exceptée une étude de l'intervalle S-T (durée séparant le début de l'onde R de l'onde T qui traduit la repolarisation des cellules cardiaques) dans les dernières versions du Synetec de Ela médical, par exemple, les pathologies liées aux autres ondes cardiaques notamment l'onde P (onde de dépolarisation des oreillettes cardiaques) ne sont que mal détectées ou identifiées [Adamec, 2000], [Fillette, 1983].

^{II} Les grandes marques proposant ce type de matériel sont : Ela medical, GE Medical system, Novacor, Oxford Instrument,...

Objectifs

De manière générale, l'analyse d'un signal est habituellement composée de deux étapes : la première consiste à trouver une représentation du signal adaptée à la propriété recherchée : on exprime alors le signal original à l'aide de *descripteurs*, en effectuant une transformation du signal de l'espace d'enregistrement à l'espace des descripteurs. La seconde étape s'effectue dans ce deuxième espace : c'est *l'analyse de la valeurs des descripteurs* pour déduire les propriétés recherchées. On comprend bien que plus la première étape est effectuée rigoureusement ou, en d'autres termes, plus les descripteurs sont pertinents pour la propriété recherchée, plus la seconde étape se voit simplifiée.

Pour illustrer et expliquer ces propos, prenons l'exemple simple de classification d'images représentant des chiffres manuscrits. La propriété finale souhaitée est la reconnaissance de *la valeur* du chiffre numérique représenté sur l'image (Figure 1).

Une première analyse peut être la suivante : l'image étant composée de N pixels numérotés de 1 à N , la représentation la plus simple de l'image est un vecteur de dimension N dont chaque coordonnée est 1 ou 0 selon l'illumination ou non du pixel correspondant. L'étape de classification étudie alors ce vecteur pour lui associer un chiffre entre 0 et 9. Le descripteur utilisé ici (le vecteur de dimension N) est très simple : aucun travail particulier n'a été effectué au niveau de la recherche de celui-ci, et l'expression du signal dans l'espace des descripteurs est particulièrement rapide. Mais dans ce cas, deux images représentant deux chiffres identiques peuvent avoir des vecteurs descripteurs associés très différents l'un de l'autre, ce qui rend le travail de classification très difficile.

Une seconde méthode d'analyse peut être la suivante : on recherche, dans chaque image, la courbe représentant le dessin du chiffre manuscrit, puis on compte d'une part le nombre de boucles que celle-ci effectue, ainsi que le nombre d'angles droits, le nombre d'angles obtus et le nombre d'angles aigus. On décrit ainsi l'image par un vecteur de 5 paramètres. Le travail effectué pour la construction de ce vecteur est difficile et nécessite de nombreux traitements. Mais, en revanche, la classification qui résulte de l'utilisation de cette description est particulièrement efficace. On peut également noter que l'espace des descripteurs utilisés ici est plus « compréhensible » ou naturel pour un observateur que l'espace des pixels (vecteurs constitué de 0 et de 1).

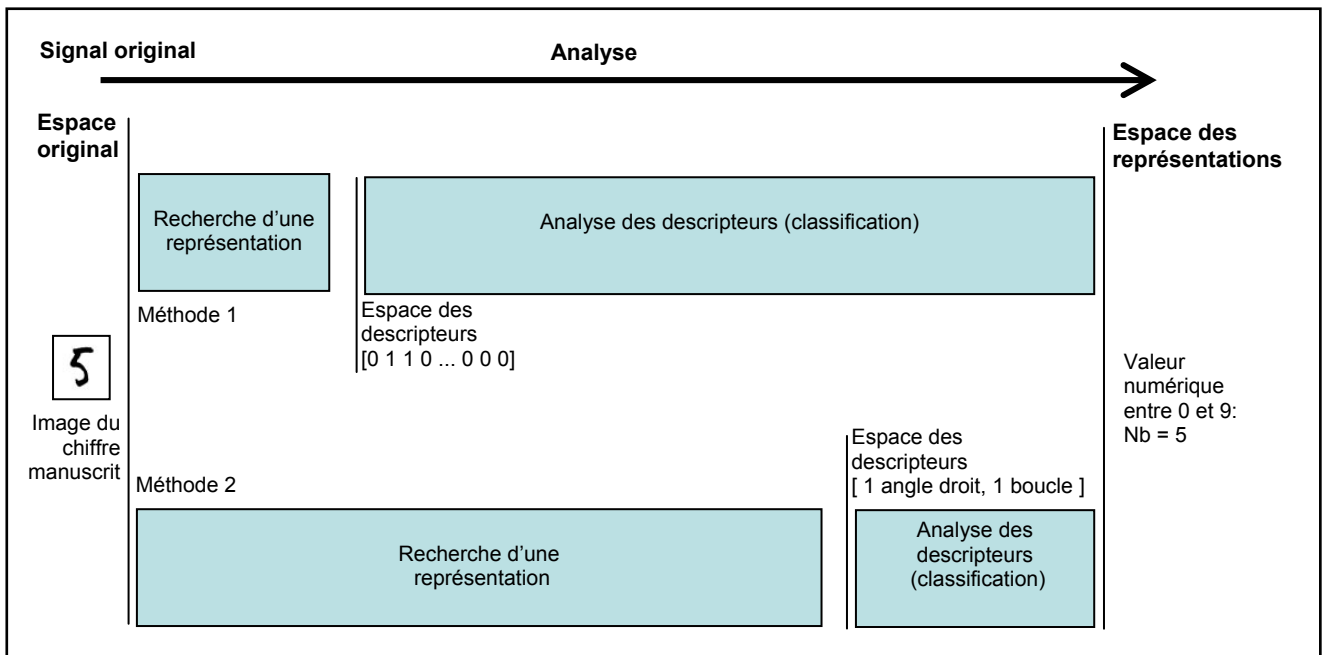


Figure 1 : L'analyse d'un signal se compose habituellement de deux étapes : la première est l'expression de ce signal sous forme de descripteurs, la seconde est l'analyse de ces descripteurs pour obtenir la propriété désirée. Selon la pertinence des descripteurs et le soin apporté à leur recherche, la seconde étape est plus ou moins simplifiée.

Pour revenir au cas de l'analyse du signal ECG, la méthode développée ici est fondée sur deux étapes d'analyses qui correspondent aux deux étapes précédemment décrites : la première est l'expression du signal dans un espace de descripteurs ; la seconde est l'analyse dans cet espace des valeurs des descripteurs pour les associer à des propriétés du signal ECG (Figure 2).

Dans la présente étude, nous nous sommes efforcés de construire un espace de descripteurs qui soit « *compréhensible* » par les médecins, c'est-à-dire d'exprimer le signal sous forme de *descripteurs qui sont ceux habituellement utilisés par le cardiologue pour en faire l'analyse*.

L'avantage de cette démarche est double.

- Tout d'abord, la seconde étape - l'analyse des descripteurs - peut se faire par application directe de la connaissance médicale, car celle-ci s'appuie directement sur la valeur de ces descripteurs.
- D'autre part, comme l'outil développé est destiné à constituer un outil d'aide au diagnostic, l'interaction entre le médecin et le programme doit être particulièrement simplifiée, et être aussi proche que possible de la démarche habituelle du médecin.

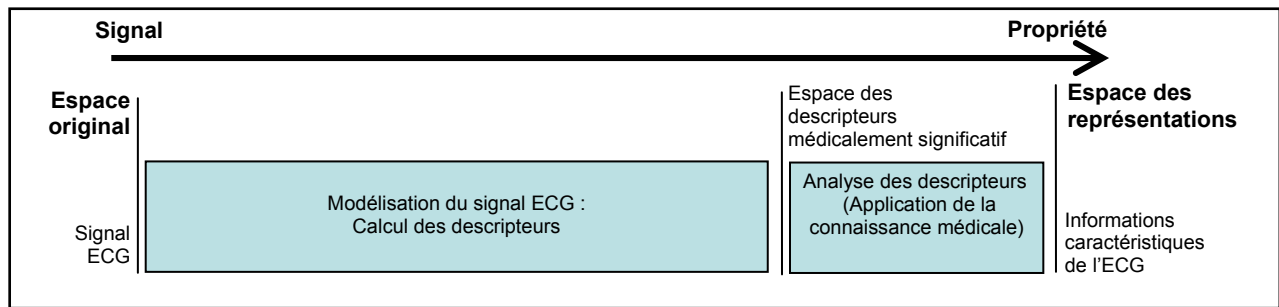


Figure 2 : *Un des objectifs du présent travail était de construire des descripteurs médicalement significatifs, donc directement intelligibles par le médecin. La seconde étape d'analyse se réduit alors à une application de la connaissance experte sur ces descripteurs, pour obtenir les caractéristiques de l'ECG.*

Ainsi, nous avons développé un algorithme capable de détecter pour chaque battement cardiaque les ondes caractéristiques (c'est-à-dire essentiellement les ondes P, R et T) et de les caractériser par leur emplacement temporel, leur largeur et leur amplitude, qui sont les descripteurs de chaque onde caractéristique. Ce sont les mêmes descripteurs que ceux utilisés par le cardiologue pour caractériser ces ondes. Ainsi, une anomalie de dépolarisation des oreillettes ou de transmission de cette dépolarisation aux ventricules se traduit par une modification d'un des descripteurs de l'onde P, par exemple une modification de son amplitude, ou une distance à l'onde R anormalement courte: de telles mesures, qui possèdent des significations physiologiques précises, peuvent facilement être introduites dans la détection automatique. Une telle approche permet donc de détecter les ondes P anormales ou de présenter des courbes de tendances sur toute la durée de l'enregistrement Holter, ce qui était jusqu'ici impossible à réaliser ; parmi de telles courbes, citons l'évolution de la distance entre l'onde P et l'onde R au cours du temps

L'algorithme présenté ici s'articule autour de méthodes mathématiques de traitement du signal développées au laboratoire, méthodes fondées sur les réseaux de neurones et plus généralement sur les algorithmes à apprentissages.

Plan du mémoire

Les deux premiers chapitres présentent sommairement le fonctionnement du système cardiovasculaire, et notamment du cœur. Ils permettent en particulier de comprendre l'origine

des signaux électriques enregistrés par l'électrocardiogramme, et présentent quelques pathologies cardiaques typiques souvent illustrées par un enregistrement ECG correspondant.

Le préalable à toute analyse du signal ECG est la *détection des ondes R* : l'onde ventriculaire qui est l'onde de plus haute amplitude de chaque battement. Le **chapitre 3** présente la méthode développée ici ; elle comporte deux étapes : 1) la détection de ces ondes sur chacune des voies d'enregistrements qui constitue la *détection monopiste* ; 2) la synthèse de ces informations afin d'obtenir une indexation précise de la position des ondes R, qui constitue la *synthèse multipiste*. Une fois ces étapes réalisées, *l'enregistrement est segmenté en fenêtres ne contenant qu'un battement cardiaque*.

Le **chapitre 4** présente la technique utilisée pour compenser les problèmes liés aux *variations de la ligne de base* c'est-à-dire la ligne isoélectrique du cœur. Ce traitement est nécessaire 1) pour la synthèse multipiste des ondes R, car il donne accès à un *indice de fiabilité* des voies d'enregistrement à chaque instant, et 2) pour réaliser une modélisation pertinente du signal comme exposé au chapitre 6.

À ce niveau, l'ECG est donc représenté sous forme de *fenêtres temporelles contenant chacune un battement cardiaque exprimé sur 1, 2 ou 3 voies selon la qualité^{III} de celles-ci*. Afin de travailler avec un nombre constant de paramètres, le **chapitre 5** décrit une application originale à l'ECG d'une méthode d'analyse multivariée permettant de ramener un battement enregistré sur plusieurs voies à un battement équivalent exprimé sur *une voie unique* en gardant un maximum d'information. Cette application est principalement fondée sur la méthode *d'analyse en composantes principales*.

Chaque battement étant maintenant exprimé par *un signal temporel sur une voie unique*, le **chapitre 6** propose une méthode de modélisation de chacun d'eux. On les décompose ici sur une base de fonctions appelées *bosses* particulièrement bien adaptées à la modélisation des ondes d'un battement cardiaque : ces fonctions ont été définies de façon ad hoc pour cette application, mais elles sont d'usage beaucoup plus général ; elles ont fait l'objet d'un dépôt de brevet.

^{III} La qualité d'une voie d'enregistrement est estimée à partir d'indices portant sur l'importance du bruit de basse fréquence, et du bruit haute fréquence également estimé lors de l'application de l'algorithme décrit dans le chapitre 4.

Nous présentons dans ce chapitre le fonctionnement général du système cardiovasculaire, puis, de manière plus détaillée, le principe de l'électrocardiogramme (ECG). Cette présentation se limite au strict nécessaire pour une bonne compréhension du mémoire ; le lecteur intéressé par une approche médicale rigoureuse pourra se reporter aux nombreux ouvrages médicaux disponibles sur le sujet, comme par exemple « Le cœur en action » aux éditions Sanofi-Synthelabo [DeBakey, 1997].

I Le système cardiovasculaire

Le système cardiovasculaire assure la circulation du sang dans l'organisme et permet ainsi son alimentation en oxygène et en nutriments. Il est composé du cœur, sorte de double pompe, qui assure la circulation dans deux réseaux complémentaires : celui des artères et celui des veines.

I.1 La circulation artérielle et veineuse

Le réseau artériel de la grande circulation est un circuit à haute pression ; il conduit le sang oxygéné à travers le corps dans des vaisseaux sanguins appelés, selon leurs tailles, artères, artérioles ou capillaires artériels (Figure 1). Ce dernier niveau est constitué de multiples petites ramifications qui facilitent le transfert de l'oxygène du sang aux organes. Le sang, devenu pauvre en oxygène, revient au cœur dans les veines, puis est envoyé par les artères pulmonaires dans la petite circulation où il est oxygéné dans les poumons. Le réseau veineux est le principal réservoir de sang : il contient environ 70% du volume total, qui est de 5 à 6 litres pour un adulte.

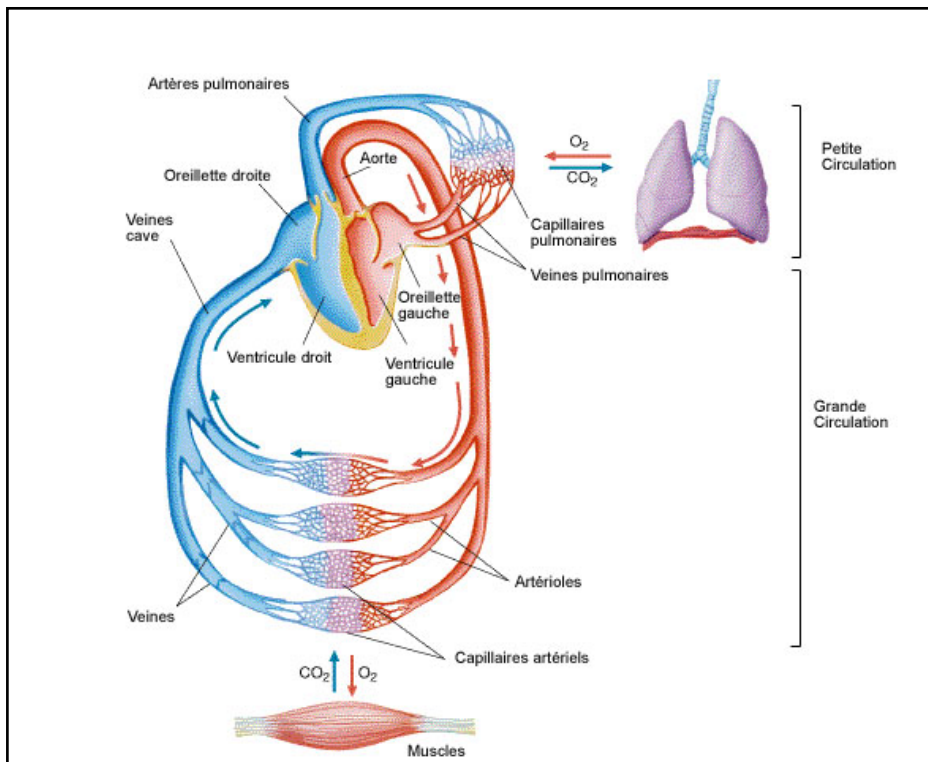


Figure 1 : le système artériel et le système veineux sont deux réseaux complémentaires de vaisseaux sanguins. Dans la grande circulation, le premier assure le transport du sang oxygéné vers les organes, le second le retour du sang pauvre en oxygène. L'élément central est le cœur qui procure la pression nécessaire à cette circulation (Source : <http://www-rocq.inria.fr/Marc.Thiriet/Glosr/Bio/AppCircul/Circul.html>).

1.2 Le cœur

Le cœur est l'élément central du système cardiovasculaire. Nous décrivons dans la suite du chapitre l'anatomie et le fonctionnement électrique d'un cœur sain.

1.2.1 Anatomie

Le cœur propulse le sang grâce aux contractions de son tissu musculaire appelé myocarde. Une épaisse cloison le divise en deux moitiés (cœur gauche/cœur droit), et chacune d'elles comporte deux cavités : l'oreillette et le ventricule. À chaque battement, le myocarde suit la même séquence de mouvement : le sang pauvre en oxygène arrive au cœur par la veine cave. Il y entre par l'oreillette droite, et en est chassé par sa contraction appelée *systole auriculaire* qui le déplace dans le ventricule droit. La *systole ventriculaire* (contraction des ventricules) propulse à son tour le sang du ventricule droit vers les poumons où il va se charger en

oxygène. De retour au cœur par les veines pulmonaires, le sang s'accumule dans l'oreillette gauche puis, lors de la systole auriculaire, passe dans le ventricule gauche qui lors de la systole ventriculaire l'envoie vers les organes par l'artère *aorte* (Figure 2).

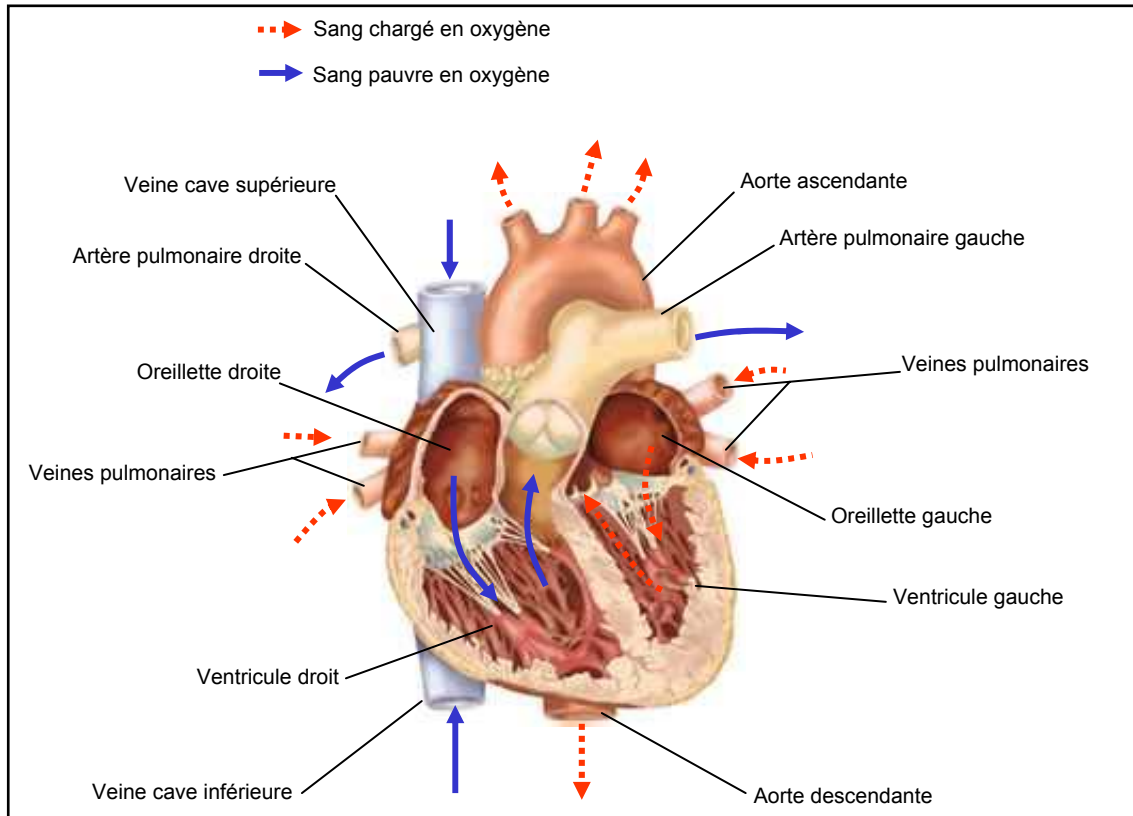


Figure 2 : Le cœur est séparé en deux par une épaisse cloison. Chaque côté (le cœur gauche et le cœur droit) est composé de deux cavités : une oreillette et un ventricule reliés entre eux par une valve à sens unique. L'oreillette droite récupère le sang pauvre en oxygène (flèches bleues continues) de la veine cave supérieure et inférieure, et le propulse par contraction de son tissu dans le ventricule droit. A son tour il se contracte et envoie le sang dans les poumons où il est chargé en oxygène. Le sang revient au cœur dans l'oreillette gauche, puis passe dans le ventricule gauche et est envoyé vers les organes dans le réseau artériel (flèches rouges pointillées).

1.2.2 Fonctionnement électrique

Comme pour tous les muscles du corps, la contraction du myocarde est provoquée par la propagation d'une impulsion électrique le long des fibres musculaires cardiaques induite par la dépolarisation des cellules musculaires. Dans le cœur, la dépolarisation prend normalement naissance dans le haut de l'oreillette droite (le sinus), et se propage ensuite dans les oreillettes,

induisant la systole auriculaire (Figure 3) qui est suivie d'une *diastole* (décontraction du muscle). L'impulsion électrique arrive alors au nœud auriculo-ventriculaire (AV), seul point de passage possible pour le courant électrique entre les oreillettes et les ventricules. Là, l'impulsion électrique subit une courte pause permettant au sang de pénétrer dans les ventricules. Elle emprunte alors le faisceau de His, qui est composé de deux branches principales allant chacune dans un ventricule. Les fibres constituant ce faisceau, complétées par les fibres de Purkinje, grâce à leur conduction rapide, propagent l'impulsion électrique en plusieurs points des ventricules, et permettent ainsi une dépolarisation quasi instantanée de l'ensemble du muscle ventriculaire, malgré sa taille importante, ce qui assure une efficacité optimale dans la propulsion du sang ; cette contraction constitue la phase de systole ventriculaire. Puis suit la diastole ventriculaire (décontraction du muscle) ; les fibres musculaires se re-polarisent et reviennent ainsi dans leur état initial.

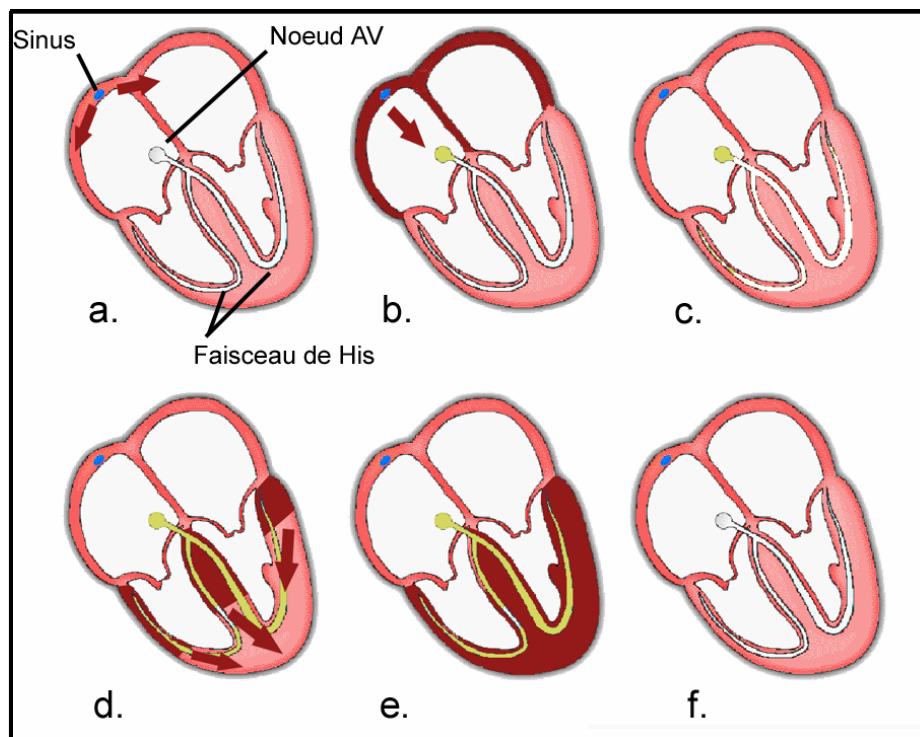


Figure 3 : L'impulsion électrique se propage dans le muscle cardiaque et induit sa contraction. Elle prend naissance dans le sinus (a) puis se propage dans les oreillettes (b) entraînant leurs contractions (systole auriculaire). L'impulsion arrive alors au nœud auriculo-ventriculaire (AV) seul point de passage électrique entre les oreillettes et les ventricules. Une courte pause est alors introduite (c) juste avant la propagation dans les fibres constituant le faisceau de His. Au passage de l'impulsion électrique (d) les ventricules se contractent à leur tour (e) (systole ventriculaire). Après la diastole (décontraction du muscle) les cellules se re-polarisent (f). Le cycle du battement cardiaque est alors terminé et le cœur est prêt pour un nouveau battement.

II L'électrocardiographie

Ou l'art d'enregistrer l'activité électrique du cœur.

II.1 Principe de l'électrocardiogramme (ECG)

Vers 1880, E Marey [Marey, 1876] et Augustus Waller [Waller, 1893] montrèrent que l'activité électrique du cœur, découverte quelques années plus tôt, pouvait être suivie à partir de la peau ; et vers 1890, Willem Einthoven réalisa le premier enregistrement cardiographique [Einthoven, 1941]. Le courant mesuré par des électrodes sur le torse du patient mettait en mouvement un mince fil d'argent tendu entre les pôles d'un gros aimant ; ces déflexions étaient enregistrées sur du papier photographique qui se déroulait face à un rayon lumineux. « Maintenant, nous pouvons enregistrer l'activité électrique du cœur anormale et la comparer à l'activité normale » (Einthoven). Ainsi naît l'électrocardiogramme à l'aube du XX-ième siècle.

Le principe de l'enregistrement moderne est, à peu de chose près, celui qui fut proposé par Einthoven : grâce à deux électrodes collées à la surface de la peau, on enregistre la différence de potentiel entre deux points diamétralement opposés par rapport au cœur, ce signal étant directement corrélé au déplacement de l'impulsion électrique dans les fibres du muscle cardiaque.

L'activité électrique instantanée peut être définie par un vecteur orienté suivant la différence de potentiel présente dans le cœur, et de module proportionnel à celle-ci. Le couple d'électrodes enregistre à chaque instant l'amplitude de la projection de ce vecteur suivant leur axe : ainsi, lorsque le vecteur électrique est orienté de l'électrode - à l'électrode +, on observe sur l'enregistreur une déflexion positive, et lorsque le vecteur est orienté en sens inverse, la déflexion est négative. À l'échelle d'une cellule, le détail des tracés est indiqué sur la Figure 4.

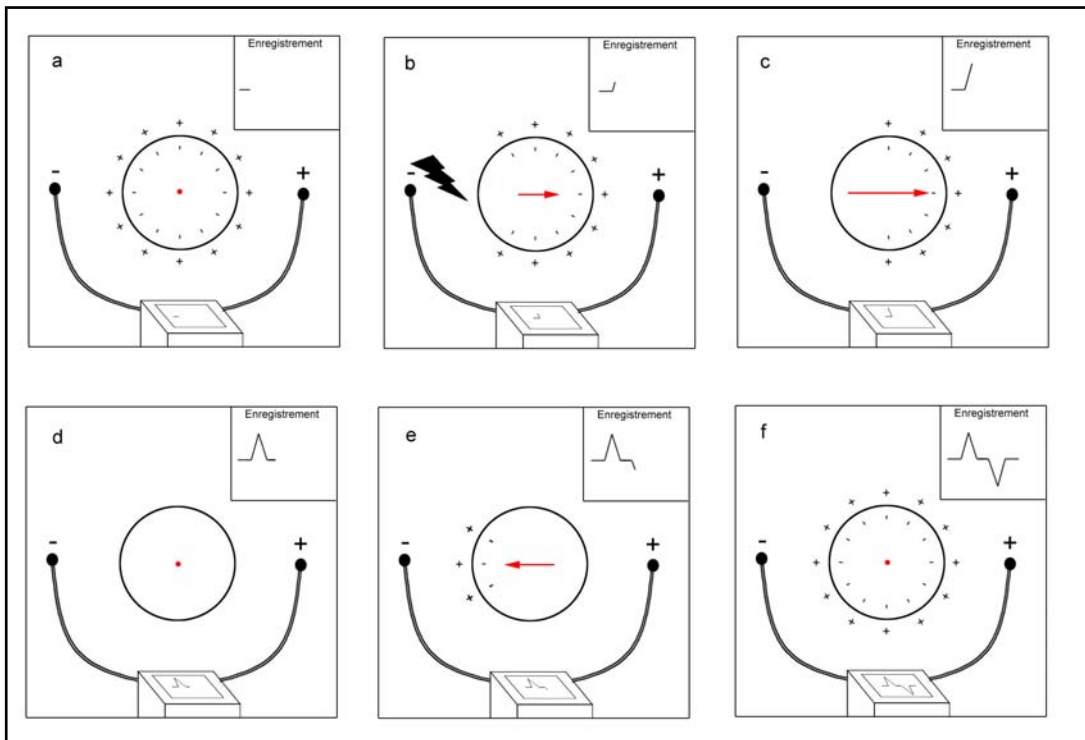


Figure 4 : *Considérons une cellule unique ; au repos, celle-ci est chargée uniformément ; le vecteur de dépolarisation est nul (point rouge), le tracé est donc plat (a). Une stimulation extérieure du côté gauche induit une perte de charge de ce côté ; l'impulsion électrique se propage alors de gauche à droite. Le vecteur de dépolarisation associé (flèche rouge) est orienté de l'électrode négative vers l'électrode positive : l'enregistrement présente donc une déflexion positive (b) qui est maximale lorsque la dépolarisation a atteint le milieu de la cellule. La fin de la dépolarisation se traduit par une pente descendante(c), car le vecteur est toujours orienté dans le même sens mais son amplitude diminue. Une fois la cellule dépolarisée, le tracé est plat (d). La re-polarisation de la cellule se traduit par un vecteur électrique orienté dans le sens opposé au précédent ; le tracé présente donc, dans un premier temps, une déflexion négative (e) pour ensuite redevenir plat (f). [Hurst, 1990]*

II.2 De l'ECG au Holter

En cardiologie, l'examen le plus couramment pratiqué est l'ECG 12 dérives, où le signal électrocardiographique est visualisé selon 12 axes privilégiés : 6 axes dans le plan frontal, et 6 axes dans le plan transversal. Sa durée peut varier de quelques secondes à une ou deux minutes ; il permet le diagnostic et la localisation précise de certaines pathologies qui laissent des traces permanentes comme, par exemple, des zones du myocarde déficientes à la suite d'un infarctus. En revanche, la courte durée de cet examen est un obstacle à la détection systématique de pathologies qui apparaissent de manière sporadique, comme certains troubles du rythme par exemple.

C'est pourquoi Norman Holter proposa, au début des années 60, un appareil « portable¹ » permettant d'enregistrer l'activité cardiaque pendant plusieurs heures ; cet enregistrement constitue ce que l'on appelle « l'examen Holter ».

L'enregistreur Holter d'aujourd'hui se présente sous la forme d'un petit boîtier (Figure 5) auquel sont reliées sept électrodes, permettant ainsi l'enregistrement sur 2 ou 3 dérivations (2 frontales et 1 transversales). Le patient se fait poser l'appareil chez un cardiologue et retourne ensuite à ses occupations habituelles. 24 heures plus tard, il revient chez le cardiologue pour se faire enlever l'appareil qui a en mémoire 24 heures d'enregistrements ECG effectués tandis que le patient a vécu une journée normale. Les résultats issus de l'analyse des quelque 100 000 battements que compte l'enregistrement permettent ainsi de diagnostiquer une plus grande gamme de pathologies que l'ECG hospitalier. En outre, la longueur de l'enregistrement autorise par exemple le suivi du rythme cardiaque durant les phases diurne et nocturne.

L'examen Holter, examen non invasif complémentaire de l'ECG 12 dérivations, est de plus en plus prescrit ; depuis quelque temps, la communauté des cardiologues commence à envisager des enregistrements Holter de très longues durées : 1 mois par exemple, ce qui correspond à plus de 2 millions de battements enregistrés. On comprend que l'analyse d'un tel examen n'est envisageable que parce qu'une lecture automatique des données enregistrées est aujourd'hui possible.



Figure 5: Enregistreur Syneflash® de la société Ela Medical. Le signal cardiaque enregistré pendant 24 heures est stocké sous forme numérique à 200Hz sur une carte à puce du type

¹ Le dispositif tient alors dans un gros sac à dos et pèse plus de 30 kg !

SanDisk®. Cette carte est ensuite directement lisible sur un ordinateur PC et l'enregistrement peut être analysé avec le logiciel Synetec® produit par la même société.

II.3 Trace électrique du cœur

Le battement cardiaque peut donc être suivi grâce à l'enregistrement en surface du signal électrique qui l'accompagne. En effet, chaque phase du battement possède une trace électrique particulière. Un œil exercé peut donc, dans la plupart des cas, différencier de manière rapide la trace d'une contraction auriculaire de la trace de contraction ventriculaire.

Appliquons le principe de l'ECG^{II}, expliqué au paragraphe II.1, à l'activité électrique d'un battement cardiaque normal. L'impulsion initiale vient du sinus : elle n'est pas visible sur l'ECG. L'onde électrique qui se propage ensuite dans les oreillettes, entraînant leurs contractions, laisse la trace d'une petite déflexion positive sur l'ECG : l'onde P (Figure 6a). L'impulsion arrive alors au nœud auriculo-ventriculaire (AV), où se produit la courte pause qui se traduit sur l'ECG par un petit segment plat ; puis elle emprunte les voies de conceptions rapides (le faisceau de His) pour entraîner la contraction des ventricules, suivie de leur repolarisation. Cette propagation de l'impulsion, et la contraction brève et puissante de l'ensemble du muscle ventriculaire, dessinent sur l'ECG une succession de 3 ondes (Q, R et S) appelé complexe QRS^{III} (Figure 6b). L'onde Q est la première : c'est une onde dirigée vers le bas, qui n'est pas toujours visible sur le tracé ; la seconde est l'onde R : elle est de grande amplitude et dirigée vers le haut ; la dernière est dirigée vers le bas : c'est l'onde S. C'est l'ensemble de ces trois ondes qui constitue le complexe QRS. Après chaque complexe QRS, on observe sur l'ECG une onde appelée onde T. Entre cette onde et l'onde précédente, on note une courte pause appelée le segment ST, dont l'étude est très importante pour l'identification de certaines pathologies [Zareba, 2001]. L'onde T traduit la phase de repolarisation des cellules constituant les ventricules ; c'est un phénomène purement électrique et pendant cette phase le cœur est mécaniquement inactif (Figure 6c).

^{II} Dans ce rapport, le terme ECG sera employé pour désigner le signal électrocardiographique que celui-ci provienne d'un véritable ECG clinique ou d'un examen Holter.

^{III} On utilisera indifféremment onde R ou complexe QRS pour désigner le signal ECG correspondant à la contraction ventriculaire.

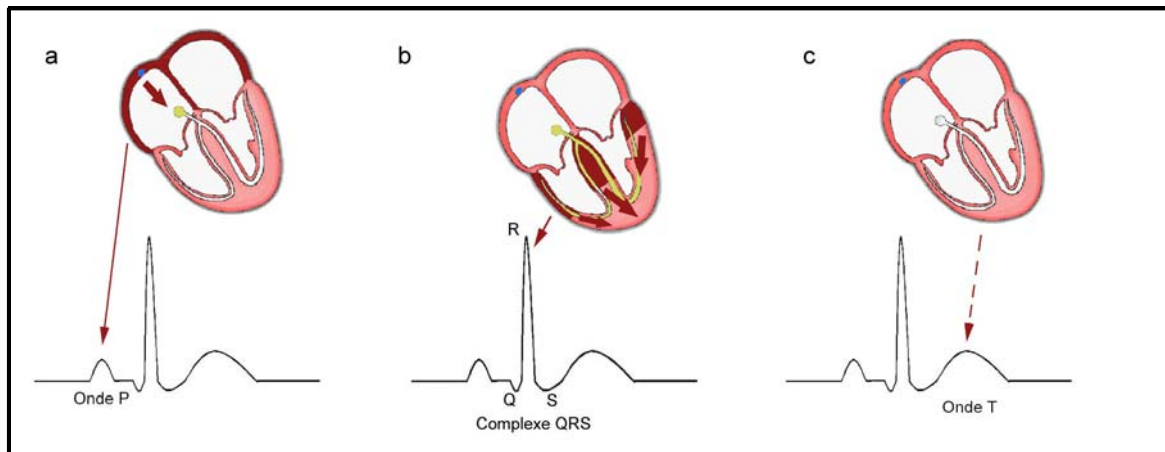


Figure 6 : La contraction des oreillettes se traduit sur l'ECG par une onde positive appelée onde P (a). Elle est suivie d'une courte pause correspondant à la temporisation effectuée par le nœud (AV). La contraction brève et puissante des deux ventricules est représentée par trois ondes : l'onde Q, l'onde R et l'onde S. On parle alors de complexe QRS (b). Q est la première onde négative en début de complexe ; elle n'est pas toujours visible ; l'onde R est la deuxième onde ; elle est positive et de grande amplitude, la troisième étant l'onde S. L'onde T correspond à la repolarisation des cellules musculaires des ventricules (c). Entre cette onde et l'onde S se situe le segment ST.

II.4 Les représentations de l'ECG

II.4.1 La représentation temporelle

Cette représentation est la plus classique. Les pistes sont représentées séparément : dans le cas de l'enregistrement Holter, les 3 voies sont présentées en parallèle. Les intérêts de ce type d'affichage sont nombreux : tout d'abord, le placement des électrodes sur le corps est normalisé : chaque piste représente donc l'activité cardiaque dans une direction bien précise, repérable d'un enregistrement à l'autre ; ainsi, le cardiologue connaît la forme typique de chaque onde caractéristique sur chacune des pistes (Figure 7).

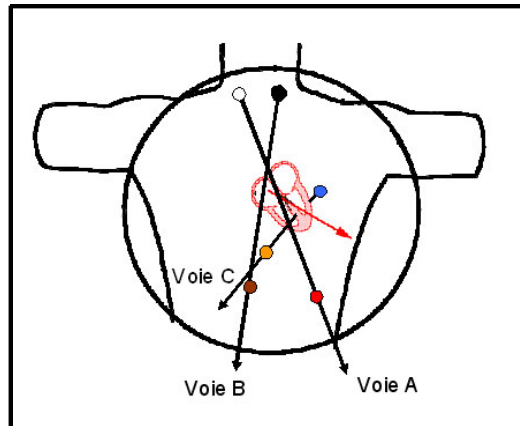


Figure 7: *l'emplacement des électrodes est normalisé pour l'enregistrement Holter, et la représentation du tracé est toujours la même : voie A en haut, voie B au centre et la voie C en bas.*

Un autre intérêt réside dans le fait que, lorsqu'une piste est bruitée, le cardiologue peut alors en faire abstraction et concentrer son analyse sur les pistes fiables ; enfin, comme précisé au paragraphe précédent, la relative facilité de séparation de l'activité auriculaire de l'activité ventriculaire est en partie favorisée par cette représentation temporelle, dans laquelle l'onde P arrive graphiquement avant le complexe QRS, etc.

L'inconvénient de cette représentation est que la corrélation entre les trois voies n'est pas traduite explicitement.

II.4.2 Le vectocardiogramme

Le vectocardiogramme est une représentation qui permet de tracer sur un même graphe les trois voies d'enregistrement.

Considérons trois couples d'électrodes placées de manière à définir trois directions orthogonales centrées sur le cœur ; chaque couple enregistre à chaque instant la projection du vecteur cardiaque dans sa direction. Le vectocardiogramme reconstruit, à partir de ces trois projections, la *courbe parcourue par l'extrémité du vecteur électrique* dans l'espace à trois dimensions ; cette courbe est paramétrée par le temps (Figure 8).

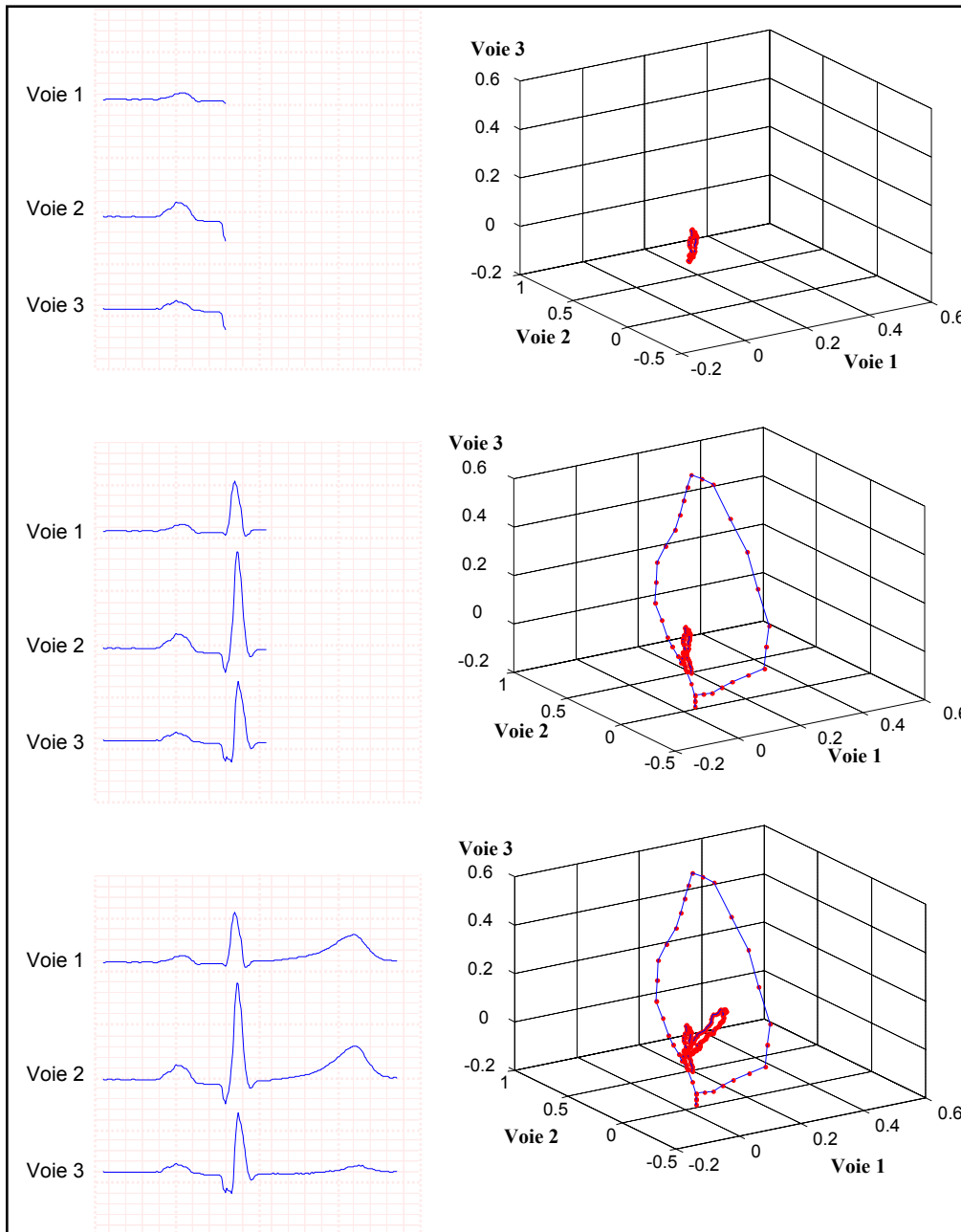


Figure 8: Le vectocardiogramme représente la trace du vecteur électrique dans l'espace à trois dimension dont les axes correspondent aux 3 voies d'enregistrement, la courbe étant paramétrée par le temps. Un battement normal est composé d'une première petite boucle représentant l'onde P, d'une grande boucle représentant le complexe QRS, et d'une troisième boucle pour la repolarisation des ventricules (onde T).

La trace d'un battement normal est composée de trois boucles de tailles différentes qui se succèdent dans le temps : la première correspond à l'activité des oreillettes (l'onde P), la deuxième, de grande amplitude, correspond au complexe QRS, et la dernière est la repolarisation des cellules ventriculaires (onde T). En général, cette courbe est analysée battement par battement ; sa forme, et notamment sa planéité, permet de diagnostiquer des

pathologies difficiles à repérer sur l'ECG classique. Mais la propriété la plus intéressante pour nous est qu'elle synthétise toute l'information enregistrée.

Le principal avantage de ce type de représentation est de retrouver à chaque instant *la direction du vecteur cardiaque* (Figure 9); elle présente néanmoins l'inconvénient d'être difficilement interprétable directement.

Cette représentation nous sera particulièrement utile dans la suite.

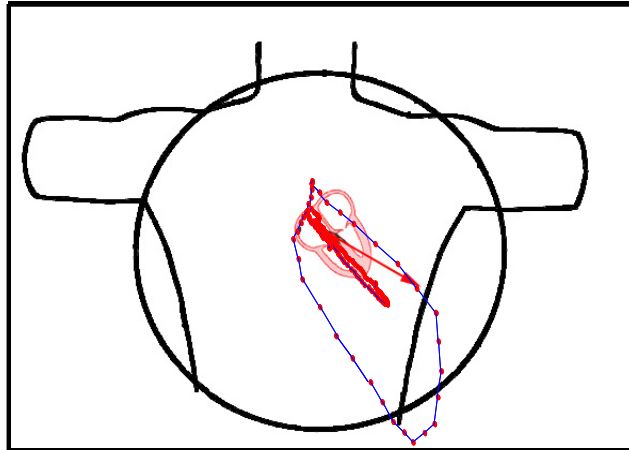


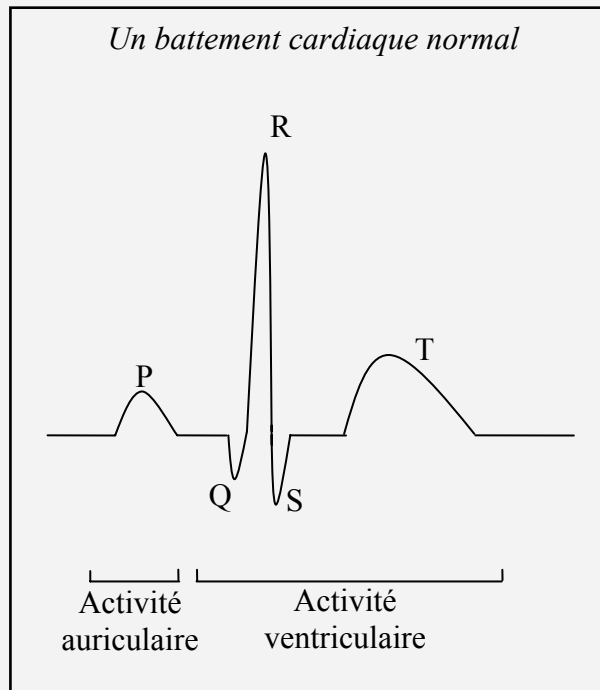
Figure 9: Le vectocardiogramme permet de suivre dans l'espace la trace du vecteur cardiaque au cours du temps pendant les différentes phases caractéristiques du battement cardiaque. Les points représentent les instants d'échantillonnage.

Résumé :

Le cœur est l'élément central du système cardiovasculaire qui permet l'alimentation en oxygène et en nutriments des organes. Il est principalement composé de quatre cavités : deux oreillettes et deux ventricules. À chaque battement, leurs contractions successives peuvent être suivies depuis l'extérieur du corps par des électrodes, collées à la surface de la peau, qui mesurent l'activité électrique des fibres musculaires cardiaques.

Cet examen non invasif s'appelle l'électrocardiogramme (ECG) quand il est effectué pendant quelques minutes à l'hôpital, et *l'examen Holter* lorsqu'il est effectué sur 24 heures. L'analyse de ces enregistrements permet, à elle seule, de diagnostiquer un grand nombre de pathologies et de les localiser. En effet, chaque couple de cavités (les oreillettes et les ventricules) possède sa propre signature électrique :

- onde P : systole auriculaire,
- ondes Q, R et S : systole ventriculaire,
- onde T : repolarisation ventriculaire.



Ce chapitre décrit très sommairement les différentes pathologies cardiaques susceptibles d'être repérées en étudiant un enregistrement Holter. Le but, ici, n'est pas d'analyser précisément leurs origines, et leurs conséquences sur le fonctionnement cardiaque [Houghton, 1997], [Dubin, 1999], ni de décrire les traitements que ces pathologies nécessitent, mais simplement de mettre en relation certaines observations anormales du tracé ECG avec les pathologies les plus courantes. Il s'agit ainsi de sensibiliser le lecteur à l'importance diagnostique de l'étude des caractéristiques des ondes P, Q, R, S et T (formes, distances relatives, ...), au-delà d'une simple analyse de rythme. De plus, ce chapitre permet de présenter de nombreux tracés anormaux qui sont justement ceux que l'algorithme sera amené à analyser.

L'introduction présente les paramètres clefs de l'analyse ECG. Les pathologies repérables par un trouble de la fréquence et de la régularité cardiaque sont ensuite décrites, suivies de celles qui affectent la forme des ondes et les distances entre celles-ci.

I Introduction

On introduit ici les paramètres d'intérêt pour l'étude du rythme et de la forme des ondes de l'ECG. Les valeurs indiquées sont celles normalement enregistrées chez l'adulte.

I.1 Le rythme cardiaque

L'étude du rythme cardiaque se fait à partir du repérage des ondes R ; ce rythme est caractérisé par deux propriétés : la fréquence des ondes R, exprimée en nombre de *battements par minute (bpm)*, et leur régularité.

En l'absence de toute pathologie, le rythme est régulier¹ et sa fréquence est comprise entre 60 et 100 bpm la journée et 40 et 80 bpm la nuit. Hors de ces limites, il peut y avoir *trouble du*

¹ Mais non strictement constant, un écart-type idéal de la distribution de l'intervalle RR est d'environ 100 ms.

rythme qui doit faire l'objet d'une étude approfondie pour définir une éventuelle pathologie sous-jacente (voir la section II- Diagnostic à partir du rythme). Cependant, toute irrégularité n'est pas pathologique : en effet, le système nerveux autonome, exerçant un contrôle permanent, peut fortement accélérer le rythme en réponse à un contexte particulier : une période de stress (Figure 1) ou d'effort, par exemple. Il est donc essentiel de prendre en considération l'activité du patient avant de poser un diagnostic.

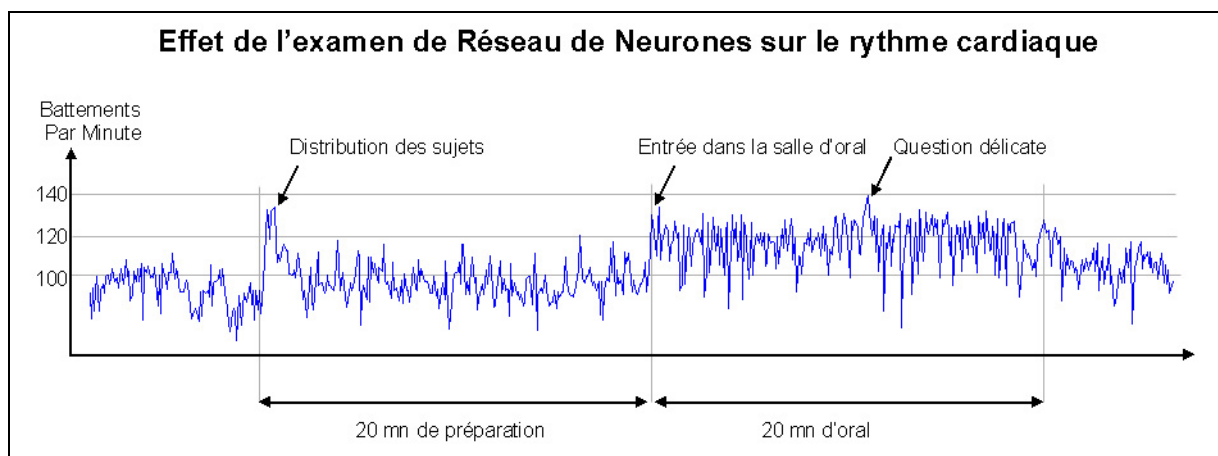


Figure 1 : Le rythme cardiaque est en permanence soumis au contrôle du système nerveux. Ici, au cours d'une épreuve d'examen oral, le rythme cardiaque d'un étudiant atteint 135 bpm, ce qui reste normal étant donné le contexte.

1.2 Le battement cardiaque standard et ses caractéristiques

L'étude d'un enregistrement ECG est fondée sur l'analyse de quelques battements cardiaques successifs ; l'étude d'un seul battement ne fournit que peu d'indications pour la pose d'un diagnostic, mais les variations des paramètres caractéristiques de chaque battement au cours de l'enregistrement constituent une source d'information essentielle. Ces paramètres caractéristiques sont :

- Les durées des ondes P, Q, R, S et T, et les amplitudes mesurées par rapport à la ligne de base (Figure 2). La ligne de base, comme nous le verrons dans les chapitres suivants, est la ligne isoélectrique du cœur au repos, qui est prise comme référence

pour mesurer l'amplitude des ondes : pendant l'inactivité cardiaque, le potentiel mesuré est donc normalement nul par rapport à cette référence. C'est le cas au niveau

- de l'intervalle entre les ondes T et P de deux battements successifs,
- de l'intervalle entre les ondes P et Q d'un même battement,
- de l'intervalle entre les ondes S et T (en l'absence de pathologie)

- Les distances entre ces ondes.

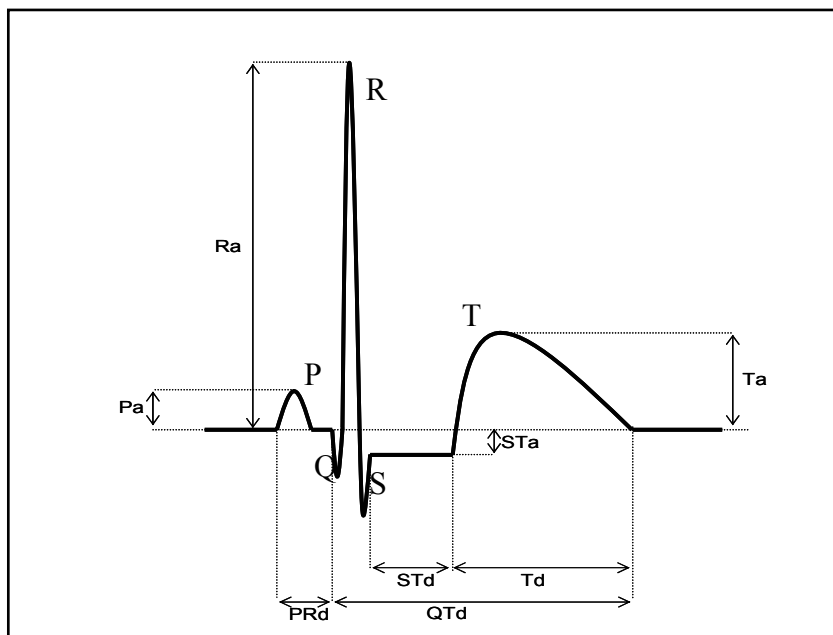


Figure 2: Paramètres d'intérêt pour la description d'un battement.

Les valeurs des paramètres de la Figure 2 couramment constatées chez l'adulte en bonne santé sont présentées dans le tableau 1.

	Onde P	Intervalle PQ	Complexe QRS	Intervalle ST	Intervalle QT	Onde T
Durée (s)	(Pd) 0.08-0.1	(PQd) 0.12-0.2	0.08	(STd) 0.20	(QTd) 0.36 ⁽¹⁾	0.2
Amplitude (mV)	(Pa) 0.25	Isoélectrique : 0	Qa<0, Ra>0, Sa<0	Isoélectrique : 0	-	Ta>0

⁽¹⁾ L'intervalle QT dépend du rythme cardiaque, la valeur donnée ici est pour 70 bpm.

Tableau 1 : valeurs habituelles des différents paramètres caractérisant un battement cardiaque [Slama, 1987].

I.3 Extrasystole ventriculaire (ESV)

L'extrasystole ventriculaire (ESV) est un battement anormal suffisamment répandu pour être présenté en introduction. Les ESV s'observent sur quasiment tous les enregistrements, principalement en période de récupération après un effort. Bien que leur présence n'indique aucune pathologie particulière, si, de façon récurrente, leur nombre par minute est supérieur à 6, elles peuvent être un signe précurseur d'une tachycardie ventriculaire (II.1.2.c Tachycardie ventriculaire), qui, elle, constitue une pathologie majeure.

Contrairement aux battements normaux qui ont pour origine la dépolarisation des cellules sinusales (voir Chap.1-I.2.2. Fonctionnement électrique), l'ESV naît de la dépolarisation spontanée d'un petit groupe de cellules ventriculaires, appelé alors foyer ectopique ventriculaire. L'impulsion électrique créée n'emprunte pas la voie normale de conduction (faisceau de His), et se propage donc plus lentement dans les ventricules. La contraction ventriculaire ainsi étalée dans le temps perd de son efficacité.

Le tracé d'un battement ESV est caractérisé par deux propriétés : l'onde R n'est pas précédée d'une onde P, puisqu'il n'y a pas eu d'activité auriculaire préalable, et la durée du complexe est supérieure à la durée d'un complexe QRS normal (Figure 3).

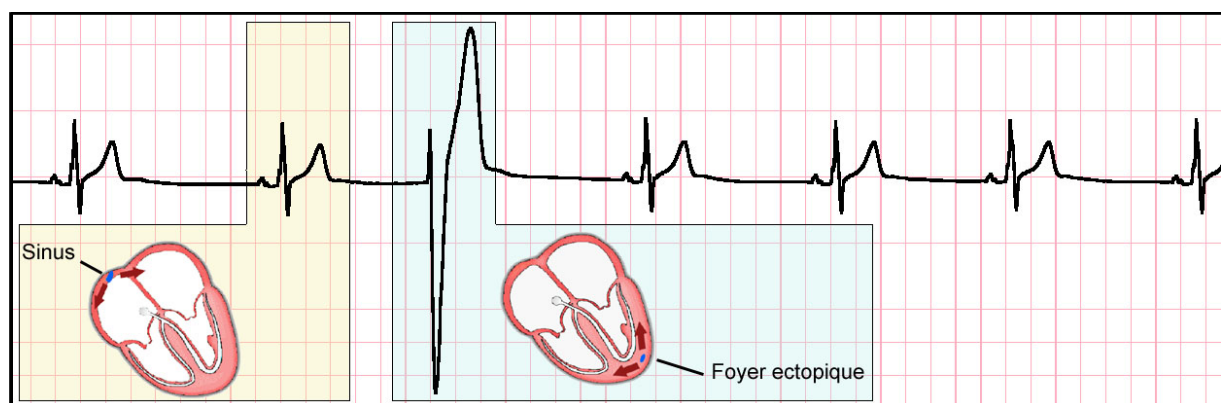


Figure 3: Extrasystole ventriculaire (ESV). Ce type de battement a pour origine la dépolarisation spontanée d'un groupe de cellules des ventricules : il n'est donc pas précédé d'une onde P, et il est plus large qu'un complexe QRS. Les ESV sont pathologiques si leur nombre par minute est supérieur à 6.

II Diagnostic à partir du rythme

Pour dresser un diagnostic à partir d'un enregistrement Holter, deux points essentiels sont à étudier : le rythme cardiaque (fréquence et régularité) et la forme des ondes (distances relatives, amplitudes, durées,...).

L'analyse du rythme ne nécessite que le repérage des ondes R : elle fut donc l'un des premiers traitements automatiques du signal cardiaque. Cette analyse est fondée sur l'extraction, à partir du signal, des deux paramètres caractéristiques suivants : la *fréquence* des battements et leur *régularité*.

Les deux paragraphes qui suivent traitent respectivement des troubles de la fréquence et des troubles de la régularité, sachant que certaines pathologies induisent ces deux anomalies rythmiques.

II.1 Fréquence

Un rythme cardiaque régulier est normal lorsqu'il est compris en journée entre 60 et 100 bpm, et entre 40 et 80 bpm pendant la nuit. Hors de ces limites, on parle de bradycardie lorsqu'il est trop lent, et de tachycardie lorsqu'il est trop rapide.

II.1.1 Bradycardie

La bradycardie est caractérisée par le fait que la fréquence cardiaque est inférieure à 60 bpm ; elle est dite d'origine sinusale, jonctionnelle, ou ventriculaire, selon le site d'initiation de l'impulsion électrique à l'origine des battements considérés.

II.1.1.a Bradycardie sinusale

Outre sa fréquence basse, la bradycardie sinusale est caractérisée par la présence systématique d'une onde P avant les complexes QRS (Figure 4) car l'origine de la contraction ventriculaire reste la dépolarisation du sinus et des oreillettes, comme lors de battements normaux. Les causes d'une telle arythmie sont multiples et souvent extérieures au système cardiovasculaire : traitement médicamenteux (bêtabloquant, digoxine, ...), hypothermie, urémie, ...



Figure 4 : Bradycardie sinusale. Le rythme est de l'ordre de 40 bpm, la présence de l'onde P nous assure de l'origine auriculaire des battements.

II.1.1.b Bradycardie d'origine jonctionnelle

En cas de dysfonctionnement sinusal avec ou sans dépolarisation auriculaire, le nœud AV peut assurer le rôle de pacemaker de secours à une fréquence de l'ordre de 30 à 60 bpm. L'impulsion électrique prend alors naissance dans le nœud auriculo-ventriculaire (AV) et suit le chemin de conduction habituel : la morphologie des ondes QRS est identique à celle du battement normal ; en revanche, l'onde P peut être absente ou, si elle est présente, elle peut être désynchronisée de la systole ventriculaire (Figure 5).

Ce rythme, appelé *rythme d'échappement jonctionnel*, dure jusqu'à ce qu'il soit inhibé par un rythme plus rapide, sinusal par exemple.



Figure 5: Rythme d'échappement jonctionnel lent à 35 bpm. L'impulsion électrique n'est plus transmise des oreillettes aux ventricules : la jonction AV a donc pris le relais, et les ondes d'origine ventriculaire, de forme normale, ne sont pas précédées d'ondes P. On observe cependant une activité auriculaire (onde P) complètement désynchronisée des systoles ventriculaires. Rythme d'échappement ventriculaire

Lorsque le problème de conduction intervient en aval du nœud AV, c'est un groupe de cellules du muscle ventriculaire qui est susceptible de devenir pacemaker (foyer ectopique ventriculaire) ; le rythme devient alors une succession d'ESV à une fréquence très lente, entre 15 et 40 bpm, appelé *rythme d'échappement ventriculaire*. Ce type de pathologie constitue une indication typique de la pose d'un stimulateur cardiaque pour éviter une possible syncope.

II.1.2 La tachycardie

À l'inverse de la bradycardie, la tachycardie est caractérisée par le fait que la fréquence est supérieure à 100 bpm ; elle peut être d'origine sinusale^{II}, auriculaire^{II} ou ventriculaire.

II.1.2.a Tachycardie sinusale

La tachycardie sinusale correspond à un rythme sinusal dont la fréquence est comprise entre 100 et 180 bpm ; on observe, avant chaque complexe QRS, une onde P de forme identique à celle observée lors du rythme normal. On a vu (Figure 1) qu'une « tachycardie » modérée et apparaissant dans des conditions de stress ou d'effort est physiologique. Une tachycardie sinusale est considérée comme pathologique si elle est de longue durée et indépendante du contexte (Figure 6).

Les causes de cette pathologie sont habituellement extra-cardiaques, et incluent tous les facteurs de stimulations du système nerveux : surmenage, anxiété, ... et l'influence de différentes substances comme l'adrénaline ou la caféine.

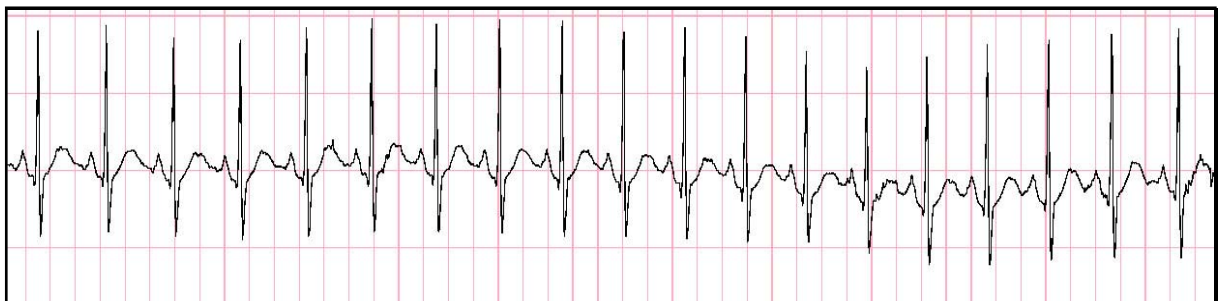


Figure 6 : Tachycardie sinusale. Le rythme est de 120 BPM ; on note la présence systématique d'une onde P avant les complexes QRS. Pour s'assurer du caractère sinusal et ne pas confondre cette tachycardie avec une tachycardie auriculaire due à un foyer ectopique situé dans les

^{II} Le terme tachycardie *supraventriculaire* est aussi utilisé dans la pratique ; il désigne les tachycardies dont l'origine est située au-dessus des ventricules.

oreillettes, il faudrait comparer la forme de l'onde P avec celle observée lors de battements normaux (cf. II.1.2b. Tachycardie auriculaire).

II.1.2.b Tachycardie auriculaire et nodale AV

Très schématiquement, la tachycardie auriculaire peut avoir pour origine un foyer ectopique, une boucle de stimulation (flutter) ou une voie qui court-circuite la voie AV, dite *voie accessoire*, avec réentrée par le nœud AV (ces deux dernières origines sont discutées plus précisément au chapitre des arythmies^{III}, II.2. Les arythmies).

Dans le cas d'un foyer ectopique, il s'agit d'un groupe de cellules situées dans les oreillettes, qui se dépolarisent spontanément et plus rapidement que le sinus, prenant ainsi sa place. La dépolarisation des oreillettes n'étant pas d'origine sinusale, la propagation de l'influx nerveux diffère de celle qui a pour origine le sinus, et l'on observe une onde P de forme inhabituelle. La fréquence typique de décharge de ce type de foyer est comprise entre 120 et 200 ; en l'absence de problèmes de conduction AV, les ventricules sont entraînés au même rythme.

La décharge régulière d'un foyer ectopique localisé dans le nœud AV peut aussi être la cause d'une tachycardie, appelée tachycardie nodale AV ; dans ce cas, la fréquence des battements peut atteindre 250 bpm. Contrairement à la tachycardie auriculaire, aucune onde P ne précède les complexes QRS, car il n'y a pas d'activité auriculaire avant le battement (il peut y avoir une activité auriculaire rétrograde dont la trace sur l'ECG est noyée dans le complexes QRS). Le principal risque de ce type de pathologie est le manque d'efficacité des ventricules qui, contraints de se contracter très fréquemment, n'ont pas le temps de se remplir correctement de sang : l'alimentation du corps en oxygène peut en être altérée.

II.1.2.c Tachycardie ventriculaire (TV)

La tachycardie ventriculaire a pour origine un ou plusieurs foyer(s) ectopique(s) ventriculaire(s) (qui se dépolarisent à tour de rôle). Les battements ont donc la forme d'extrasystoles ventriculaires très rapprochées (Figure 7). Ce type de rythme est dangereux à cause de sa possible évolution en *fibrillation ventriculaire* qui, elle, conduit au décès du

^{III} Elles appartiennent au groupe des *tachyarythmies*.

patient si elle n'est pas traitée à l'aide d'un défibrillateur dans les quelques minutes qui suivent son apparition.



Figure 7 : Tachycardie ventriculaire (TV). On observe sur l'enregistrement une succession d'extrasystoles ventriculaires à une fréquence de 150 bpm ; après la phase de TV, le cœur reprend ici spontanément un rythme sinusal normal.

Les bradycardies et tachycardies présentées précédemment engendrent essentiellement un rythme régulier pendant leur manifestation. Cependant, certains de ces événements peuvent, d'une part, se manifester de manière sporadique, par phases, et produire ainsi des rythmes différents d'assez longues durées, ou, d'autre part, créer de véritables troubles de la régularité ; il s'agit alors de troubles du rythme ou *arythmies*.

II.2 Arythmies, ou troubles de la régularité

L'absence de régularité des battements cardiaques est une caractéristique du rythme importante pour le diagnostic ; elle est souvent associée à un trouble de la production ou de la conduction de l'impulsion électrique (foyers ectopiques, blocs, boucles, ...). Les arythmies permanentes ou sporadiques nécessitent un suivi médical et sont des indications typiques à la pose régulière d'un enregistreur Holter.

II.2.1 Foyer ectopique auriculaire ou nodal AV

Les irrégularités de rythme peuvent traduire la présence d'un ou plusieurs foyers ectopiques auriculaires (Figure 8). La fréquence d'expression de ces foyers, leur alternance entre eux et avec le sinus, et la transmission aux ventricules, peuvent entraîner diverses conséquences rythmiques : de l'extrasystole auriculaire isolée (ESSV) avec un repos compensatoire, qui introduit une distorsion rythmique locale, jusqu'à la fibrillation auriculaire évoquée plus loin, en passant par une tachycardie régulière (cf. II.1.2.b Tachycardie auriculaire et nodale AV) ou une tachyarythmie comme un bigéminisme (1 battements sur 2 est une ESSV)^{IV}.

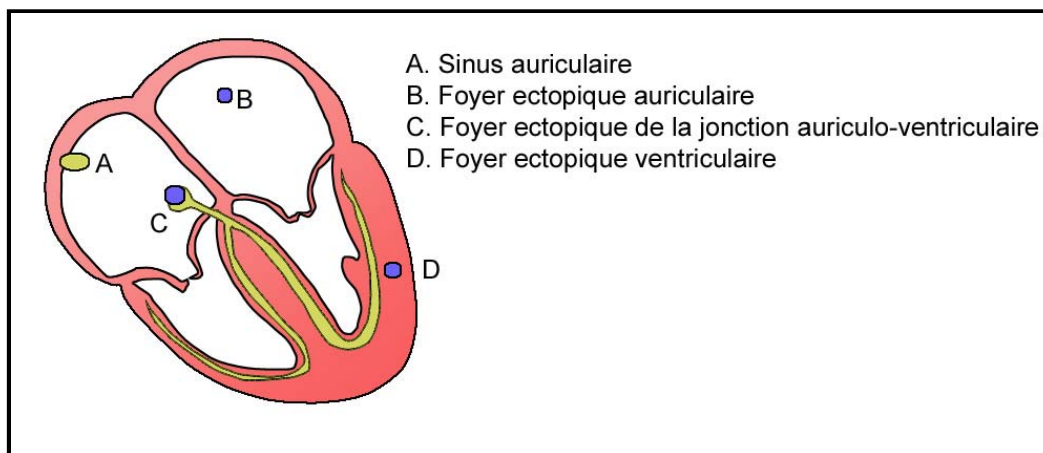


Figure 8 : Emplacement des foyers ectopiques. Lorsqu'il y a un trouble de la production ou de la propagation de l'impulsion cardiaque, un certain nombre de pacemakers de réserve sont susceptibles d'engendrer des battements cardiaques, ce sont des foyers ectopiques, classés suivants leur localisation. Le rythme peut alors apparaître « régulier » si leur activité est continue (rythme d'échappement), « régulièrement irrégulier » (lorsque ces foyers n'enclenchent pas tous les battements mais se manifestent fréquemment et régulièrement, comme dans le cas des bigéminismes, par exemple) ou « irrégulier » (lorsque ces foyers prennent la commande de manière aléatoire ou lorsque leur transmission aux ventricules est aléatoire, dans le cas de foyers ou de boucles supraventriculaires).

II.2.2 Foyer ectopique ventriculaire

Lorsque le foyer ectopique se trouve dans les ventricules, on obtient un battement ESV (cf. I.3. Extrasystole ventriculaire). Les ESV étant fréquemment suivies d'un repos compensatoire, sorte de temps de récupération, elles introduisent en général une distorsion

^{IV} De la même manière, on peut rencontrer un trigéminisme : alternance de 1 battement normal et 2 ESSV. Ces termes (bigéminisme et trigéminisme) s'appliquent également aux alternances entre battement sinusal et ESV (Figure 9).

locale du rythme, qui peut réapparaître plus ou moins fréquemment ou régulièrement selon la fréquence d'expression du ou des foyers ectopiques, et leur caractère aléatoire ou non (Figure 9).

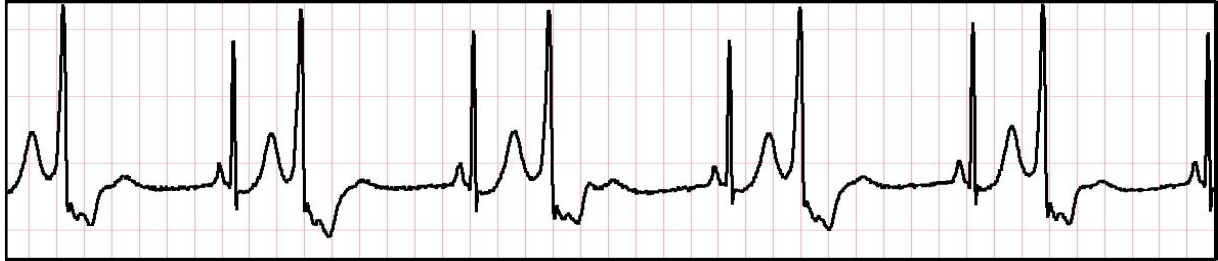


Figure 9 : Bigéminisme ventriculaire. Ici, un foyer ectopique ventriculaire se manifeste de manière régulière, induisant une ESV une fois sur deux.

II.2.3 Le flutter et les fibrillations

- Le *flutter auriculaire* est une autre cause de troubles du rythme ; dans ce cas, la fréquence de l'onde P peut atteindre 300 bpm, voire davantage. À cette fréquence, le nœud auriculo-ventriculaire ne parvient pas à conduire toutes les impulsions électriques vers les ventricules, et l'on observe généralement des *blocs 2:1*, au cours desquels seule une contraction auriculaire sur deux est suivie d'une systole ventriculaire ; la fréquence ventriculaire est donc d'environ 150 bpm dans un tel cas. On observe également, mais plus rarement, des flutters 3:1, 4:1 ou de degrés variables. Notons que, dans ce type de pathologie, il existe un risque majeur pour la santé du patient, en raison de la possibilité de génération d'embolies, dus aux turbulences dans le flux sanguin au niveau des oreillettes.
- La *fibrillation auriculaire* (FA) (Figure 10) est plus fréquente que le flutter ; elle touche 5 à 10% des personnes de plus de 65 ans. Dans cette pathologie, l'activité auriculaire n'est plus composée de battements ; soumis à plusieurs foyers ectopiques et à des boucles de conduction locales, le fonctionnement du myocarde auriculaire est totalement désorganisé. Ces mouvements anarchiques peuvent néanmoins transmettre quelques impulsions au nœud auriculo-ventriculaire, qui les transmet à son tour aux ventricules et entraîne leurs contractions. Comme cette transmission revêt un caractère aléatoire, le rythme des complexes QRS est complètement irrégulier. L'absence des systoles auriculaires n'est pas grave en soi, mais elle est cependant responsable d'une

baisse significative de l'efficacité cardiaque à deux niveaux : d'une part, parce que le cœur ne bénéficie pas de la systole auriculaire qui assure une partie du remplissage sanguin des ventricules, et, d'autre part, parce que le rythme moyen est généralement supérieur à 100 bpm et peut atteindre 200 bpm. Le risque majeur lié à cette pathologie est celui du flutter, c'est-à-dire de l'envoi possible, dans la circulation, d'embolies formés au niveau des oreillettes (particulièrement préjudiciables s'il s'agit de l'oreillette gauche, puisque le ventricule gauche envoie le sang dans la circulation générale, et en priorité vers le cœur et le cerveau). Ce risque est relativement faible lorsqu'une FA est permanente, tandis qu'il est augmenté lors d'épisodes de FA sur fond sinusal (FA paroxystique), surtout lors du passage d'un rythme à l'autre.



Figure 10 : Fibrillation auriculaire. L'activité du myocarde au niveau des oreillettes est complètement désorganisée : on n'observe donc pas d'activité auriculaire précise (onde P) mais un bruit permanent. Quelques influx électriques sont cependant conduits par le nœud AV, et aboutissent à une systole ventriculaire normale mais irrégulière.

- La *fibrillation ventriculaire* (Figure 11) est l'équivalent physiologique de la fibrillation auriculaire, mais transposée aux ventricules : les ventricules se déchargent alors de manière totalement désynchronisée, et il n'y a plus de systole cardiaque. Une fibrillation ventriculaire constitue donc une arythmie particulièrement grave, puisqu'elle est une menace de mort imminente : en effet le cœur n'assure plus du tout son travail de pompe, le sang ne circule plus, ce qui conduit à une asphyxie de tous les tissus du corps, dont le myocarde lui-même. Sans une intervention (défibrillation) immédiate, susceptible de re-synchroniser la dépolarisation des cellules du myocarde et faire ainsi « repartir » le mouvement cardiaque, la mort s'ensuit. Les personnes qui présentent de tels risques peuvent aujourd'hui bénéficier de l'implantation d'un défibrillateur : placé au niveau du thorax, comme un pacemaker, il est muni d'une sonde qui peut détecter l'anomalie rythmique et conduire l'appareil à délivrer une forte décharge électrique.

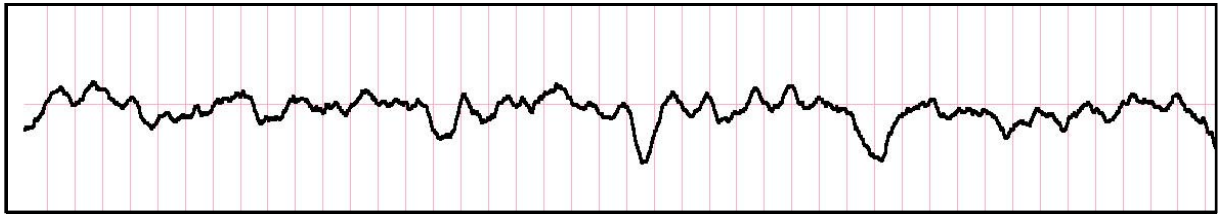


Figure 11 : Fibrillation ventriculaire. L'activité cardiaque est totalement désynchronisée : les ventricules ne se contractent donc plus de manière efficace. L'alimentation en oxygène des tissus n'étant plus assurée, une intervention d'urgence est impérative.

II.2.4 Les Blocs

Le *bloc* est un exemple de problèmes de conduction. C'est un défaut localisé de propagation de l'impulsion électrique dans le tissu cardiaque. Lorsqu'il est complet, c'est-à-dire que l'absence de conduction est totale, des pacemakers de réserve comme un foyer ectopique auriculaire (Figure 8), ou le nœud AV, peuvent prendre le relais et entraîner des bradycardies ou tachycardies, comme étudié au paragraphe précédent. A l'inverse, lorsqu'il apparaît de manière sporadique, suivant le cas, il peut se manifester par des troubles du rythme : on observe alors une irrégularité.

Au niveau des voies de conduction rapide de l'influx nerveux dans le cœur, il existe essentiellement trois types de « blocs » classés suivant leurs localisations (Figure 12): le *bloc sino-auriculaire* (SA) situé entre le sinus et les oreillettes, le *bloc auriculo-ventriculaire* (AV) entre les oreillettes et les ventricules, et le *bloc de branche* (*droit et/ou gauche*) au niveau de la transmission à chacun des deux ventricules ; ce sont surtout les deux premiers (blocs SA et AV) qui sont susceptibles d'entraîner des troubles du rythme.

Notons que n'importe quelle partie du myocarde peut constituer un « bloc », par dégénérescence ou mort cellulaire, dans une zone infarctée^V par exemple, et un tel bloc peut modifier la propagation de l'influx nerveux en créant des zones de réverbération des ondes à l'origine d'éventuelles boucles, qui, comme évoqué plus haut, peuvent engendrer une arythmie.

^V Une zone infarctée est une zone qui a subi un infarctus, c'est-à-dire une zone dans laquelle les cellules musculaires sont mortes car elles ont été privées d'oxygène pendant un certain temps.

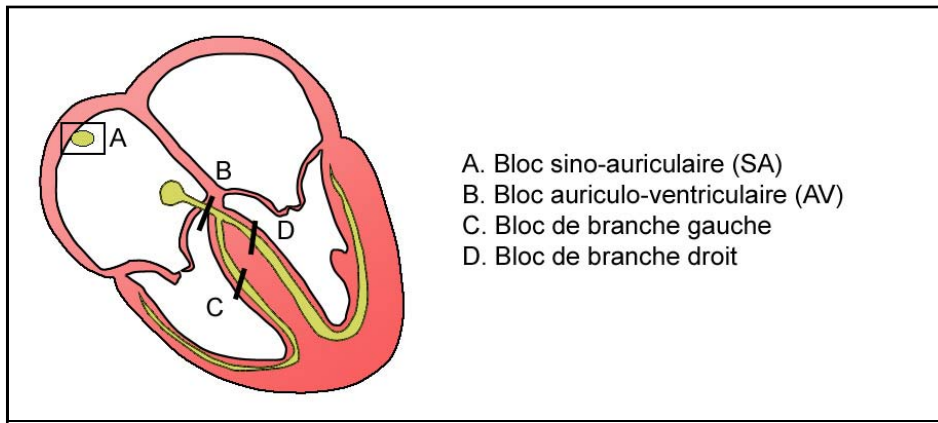


Figure 12 : Localisation des blocs standard le long des voies de conduction rapide de l'influx nerveux. Les blocs sont des défauts de conduction ; on les classe suivant leur localisation. S'ils sont complets, c'est-à-dire permanents, l'impulsion n'est plus transmise d'une région à l'autre du cœur ; dans ce cas, des foyers ectopiques, sortes de pacemakers de réserve, prennent le relais.

II.2.4.a Bloc sino-auriculaire (SA)

Dans le cas du bloc SA, l'impulsion électrique issue du sinus n'est pas transmise aux oreillettes ; les muscles auriculaires et ventriculaires ne se contractent donc pas. Sur l'ECG, on observe l'absence d'un battement là où régulièrement il devrait y en avoir un. De plus, si le bloc est bien installé, il est possible que plusieurs impulsions du sinus ne soient pas transmises ; dans un tel cas, on observe souvent la prise de relais par un ou des pacemakers de réserve (foyers ectopiques) décrits précédemment.

II.2.4.b Bloc auriculo-ventriculaire (AV)

Dans le cas d'un bloc AV, l'influx se propage correctement au niveau des oreillettes mais n'est pas transmis aux ventricules : la contraction des oreillettes n'est donc pas suivie de la contraction des ventricules. Ce type de bloc est habituellement caractérisé par son degré de sévérité :

Un *bloc AV d'ordre I* correspond à l'allongement de la distance PR, c'est-à-dire que la conduction entre les oreillettes et les ventricules s'effectue difficilement, lentement, mais n'est pas absente. Chaque onde P est donc suivie d'un complexe QRS ; le rythme est régulier.

Un bloc AV d'ordre II bloque certaines impulsions issues des oreillettes, qui ne donnent alors pas naissance à des contractions ventriculaires (Figure 13) ; le tracé ECG présente de temps en temps des ondes P isolées, non suivies de complexes QRS.



Figure 13 : Bloc AV d'ordre II. Le rythme est sinusal à une fréquence de 80 bpm, seul une onde P (contraction auriculaire) n'est pas suivie d'une systole ventriculaire, ce qui signe un bloc AV d'ordre II. Le rythme apparaît donc localement irrégulier.

Un bloc AV d'ordre III correspond à l'absence totale de conduction entre les oreillettes et les ventricules. Les activités de ces deux parties du cœur, habituellement corrélées, sont, dans ce cas, totalement indépendantes. Le sinus continue à assurer la régularité des battements auriculaires, mais l'absence de transmission de l'influx auriculaire vers les ventricules conduit un foyer ectopique, au niveau du nœud jonctionnel (AV) ou au niveau ventriculaire, à prendre la commande des ventricules, ce qui, selon les cas, peut introduire un rythme régulier ou non, mais assurément plus lent que le rythme sinusal (Figure 5).

Les irrégularités du rythme sont donc principalement observables durant les blocs AV I et AV II, et surtout lors d'une situation intermédiaire où l'on repère une période dite de Wenckebach, qui correspond à un allongement périodique de la distance PR aboutissant à une onde P non conduite, suivie d'une onde P conduite, etc. Cette pathologie introduit ainsi une irrégularité régulière du rythme.

L'étude du rythme et de la régularité des battements sur un ECG permet donc d'orienter efficacement un diagnostic : bradycardie, tachycardie, blocs, foyers ectopiques,...

Mais la caractérisation du type de pathologie nécessite une étude plus précise des ondes constituant chaque battement. Par exemple l'absence ou non d'une onde P permet de différencier un bloc SA d'un bloc AV, la forme du complexe QRS indique si une bradycardie est jonctionnelle ou d'échappement ventriculaire...

Une analyse et une reconnaissance des ondes caractéristiques apparaissent donc comme un complément indispensable à l'étude du rythme, pour réaliser un traitement automatique du signal ECG qui soit un véritable auxiliaire pour la pose d'un diagnostic complet.

III Diagnostic à partir des ondes

Grâce à la puissance des ordinateurs modernes, de nouvelles méthodes de traitement du signal ont vu le jour pour analyser, outre le rythme, *la forme* des ondes de chaque battement. Cette analyse reste pour l'instant essentiellement limitée à la forme de l'onde R, même si elle commence à permettre le repérage de troubles de la repolarisation à partir de la forme de l'onde T. L'avantage d'une étude individuelle de chacune des ondes, en y incluant l'analyse de l'onde P, est qu'elle permettra de réaliser un véritable pré-diagnostic sur la base de la connaissance experte, grâce à la localisation de l'origine du problème lorsque les battements cardiaques ne sont pas normaux. En effet, nous avons vu que chaque onde correspond à une activité spécifique d'une partie du cœur (cf. Chap.1.II.3 Trace électrique du cœur).

III.1 L'onde P

III.1.1 Forme de l'onde P

L'onde P traduit la dépolarisation auriculaire. Lorsque le signal qui déclenche cette dépolarisation provient toujours de la même origine (normalement, le sinus) sa forme ne varie pas tout au long de l'enregistrement ; on l'observe habituellement positive sur les deux premières dérivations Holter (avec les électrodes en position standard).

Une onde P de forme variable peut révéler la présence d'un (ou de plusieurs) foyer(s) ectopique(s) auriculaire(s). Lorsqu'un tel foyer se manifeste de manière sporadique et rare, le

tracé de l'ECG présente des battements prématurés d'origine auriculaire (dits Extra-Systoles SupraVentriculaires, ou ESSV) (cf. II.2.2. Foyer ectopique auriculaire) ; s'il s'exprime fréquemment, il peut remplacer alors le sinus pendant plusieurs battements. Le tracé présente alors une succession de battements dont la forme de l'onde P varie (Figure 14), avec ou sans éventuelles conséquences sur la fréquence et le rythme ventriculaires (cf. II.1.2.b Tachycardie auriculaire)



Figure 14 : Foyer ectopique auriculaire. Pendant 6 battements, un foyer ectopique auriculaire a remplacé le sinus. La forme de l'onde P est clairement différente pendant cette période, puisqu'elle apparaît inversée ; dans cet exemple, le rythme introduit par le foyer ectopique est très proche de celui observé lors de battements sinusaux, ce qui rend la détection de ce type d'anomalie difficile par la seule étude du rythme (on note toutefois le repos compensatoire après la salve d'ESSV, qui, si l'alternance sinus/foyer ectopique est fréquente, peut introduire une irrégularité du rythme).

La durée de l'onde P est habituellement inférieure à 80 ms ; des ondes P anormalement larges ou anormalement amples traduisent une dilatation d'une des oreillettes, symptôme qui ne nécessite pas en soi un traitement particulier, mais qui est souvent révélateur d'un problème sous-jacent d'hypertension artérielle pulmonaire, d'insuffisance cardiaque ou d'une valvulopathie (mitrale, tricuspide ou aortique), par exemple.

III.1.2 Intervalle PQ

La distance entre l'onde P et le complexe QRS est mesurée entre le début de l'onde P et le début de l'onde Q (Figure 2). Celle-ci est normalement comprise entre 120 ms et 200 ms, et reste fixe quelle que soit la fréquence (elle correspond en effet au temps de dépolarisation du nœud AV, qui est une constante physiologique).

Les causes d'un intervalle mesuré inférieur à 120 ms sont généralement les suivantes :

- Un rythme jonctionnel auriculo-ventriculaire (AV) : la dépolarisation des ventricules est initiée dans la jonction AV. Le rythme est en général lent (bradycardie jonctionnelle) et l'onde se propage de manière rétrograde dans les oreillettes en même temps qu'elle se propage dans les faisceaux de His vers les ventricules, ce qui cause une onde P tout juste collée au complexe QRS, ou invisible car noyée dans ce complexe (cf. II.1.1.b Bradycardie d'origine jonctionnelle).
- Une deuxième cause possible est le syndrome de Wolff-Parkinson-White (WPW) : les patients atteints d'un tel syndrome possèdent, entre les oreillettes et les ventricules, une *voie de conduction accessoire* qui est plus rapide que le nœud AV (Figure 15). La courte pause normalement introduite à ce niveau disparaît alors (cf. chap.1 I-2.2 Fonctionnement électrique du cœur), de sorte que les ventricules se dépolarisent juste après la dépolarisation auriculaire ; ce phénomène se traduit par l'observation d'un intervalle PQ plus court que normal. Le risque majeur induit par cette pathologie réside dans le passage possible du rythme cardiaque en tachycardie de fréquence très élevée (par mécanismes de bouclage de l'impulsion électrique), avec de possibles conséquences hémodynamiques et perte de connaissance.

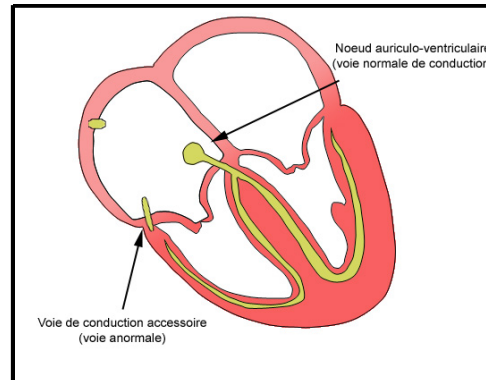


Figure 15 : Syndrome de Wolf-Parkinson-White. Les patients ont une voie accessoire de conduction entre les oreillettes et les ventricules, ici le ventricule droit. L'impulsion électrique issue du sinus se propage également donc aux ventricules par cette nouvelle voie, tandis que le nœud AV introduit normalement une courte pause dans la propagation de l'impulsion, ce qui facilite le remplissage sanguin des ventricules ; ici, l'impulsion est directement transmise aux ventricules hors des voies de conduction normale, ce qui peut se traduire par un élargissement du complexe QRS.

Notons qu'il existe des variantes de ce type de pathologie impliquant une voie accessoire ; le lecteur intéressé pourra se reporter à [Houghton, 1997].

- Dans le cas inverse, où l'intervalle PQ est supérieur à 200 ms, et où chaque onde P est bien suivie d'un complexe QRS, on peut suspecter un bloc AV d'ordre I ; si certains complexes QRS manquent, on diagnostique alors un bloc d'ordre supérieur. Le fait de pouvoir localiser les différentes ondes indépendamment les unes des autres permettra de suivre l'évolution temporelle des distances entre les ondes comme cette distance PR, de préciser la fréquence d'occurrence de l'apparition de blocs AV, et ainsi de mieux spécifier leur ordre.

Le fait que l'amplitude de l'onde P soit relativement faible par rapport à celles de R et T rend sa détection et sa caractérisation difficiles. Nous mettrons l'accent sur cette détection dans le présent travail, en raison de l'apport diagnostique majeur qu'elle pourra constituer.

III.2 Le complexe QRS

C'est la partie du battement la plus simple à repérer, en raison de l'amplitude dominante de l'onde R ; c'est pourquoi la détection automatique des ondes R est celle qui a été réalisée en premier : c'est aujourd'hui l'analyse la plus aboutie.

III.2.1 La forme du complexe

Les analyses précises de l'onde R nécessitent un enregistrement clinique de l'activité cardiaque sur 12 dérivations, dont, en particulier, les dérivations dites « *thoraciques* » qui permettent une mesure locale de l'activité électrique cardiaque. Par exemple, l'identification et la localisation d'un infarctus du myocarde ou d'une hypertrophie ventriculaire s'effectuent à partir de l'ensemble de ces 12 dérivations, par comparaison des différents tracés entre eux (et avec des tracés précédents, si possible). L'enregistrement Holter sur 3 voies ne permet pas de mesure locale de l'activité cardiaque, mais la mesure globale selon trois dimensions permet tout de même de repérer et parfois même de localiser (grâce à la reconstruction possible du vecteur électrique du cœur) la majeure partie des pathologies, même si certaines ne peuvent pas être précisées. En effet, bien que tous deux repérable sur un enregistrement holter, les *blocs de branche* droit et gauche ne peuvent être distingués l'un de l'autre, tandis qu'une telle distinction est possible sur l'ECG 12 dérivations. On parle de bloc de branche lorsque l'une des branches du faisceau de His ne conduit pas l'impulsion électrique issue du nœud auriculo-

ventriculaire avec la même efficacité que l'autre. Dans le ventricule correspondant à la branche bloquée, l'impulsion électrique arrive donc en retard par rapport à l'autre : on observe alors sur le tracé une onde R plus large, correspondant à l'activité successive et non simultanée de chacun des ventricules, en revanche le rythme est régulier car il reste contrôlé par le sinus (Figure 16). Un bloc de branche peut-être qualifié de partiel ou total en fonction du degré d'inefficacité de la transmission le long de la branche en question. Notons aussi que, indépendamment de l'absence de distinction entre les deux blocs de branches gauche et droit lors d'un enregistrement Holter, selon l'algorithme de lecture du signal, il existe un risque de confusion entre une onde R avec bloc de branche et une onde R d'extra-systole ventriculaire (ESV), à cause de l'élargissement de l'onde observée dans les deux cas. Mais, dans le cas général, les algorithmes d'analyse de la forme de l'onde R permettent en général de différencier efficacement les complexes QRS normaux (y compris avec une variante de type « bloc de branche ») des extrasystoles ventriculaires (ESV).



Figure 16 : Bloc de branche. Il y a ici un problème de conduction de l'impulsion électrique dans le faisceau de His. La contraction des deux ventricules n'est donc pas parfaitement simultanée, ce qui s'observe par deux pics successifs correspondant aux deux ventricules. La durée totale de l'onde R est donc ici plus longue que lors des battements normaux.

III.2.2 L'intervalle QT

L'intervalle QT est mesuré entre le début de l'onde Q et la fin de l'onde T (Figure 2). Cet intervalle est variable, fonction de la fréquence cardiaque ; le calcul de l'intervalle QT corrigé (QTc) s'avère donc utile pour dresser un diagnostic : proportionnel au QT mesuré divisé par la racine du rythme, le QTc, invariant quel que soit le rythme, doit être compris entre 350 et 430 ms. Il existe des causes extra-cardiaques au fait que le QTc soit hors de ces limites :

lorsque que le QTc est inférieur à cette limite, le patient peut présenter une hypercalcémie^{VI} ou une hyperthermie ; à l'inverse, lorsqu'il est supérieur à 430 ms, le patient peut être atteint d'hypocalcémie^{VI}. Il existe aussi des causes cardiaques : par exemple, lorsqu'un patient est atteint de la maladie dite du « QT long », il est important de le diagnostiquer, car il existe pour lui un risque de passage en TV (II.1.2.c Tachycardie ventriculaire) : en effet, le QT long est susceptible de favoriser un phénomène appelé *R sur T*, où une dépolarisation ventriculaire due à une ESV commence tandis que la repolarisation du battement précédent n'est pas encore terminée. Ce phénomène est facilement générateur de boucles de conduction à l'origine de TV.

III.3 L'onde T

L'onde T correspondant à la repolarisation ventriculaire, l'interprétation précise de sa forme en termes de pathologies est facilitée par un enregistrement sur 12 dérivations, comme pour l'onde R.

III.3.1 Forme de l'onde T

Il n'existe pas de domaine de normalité clairement défini concernant la hauteur de l'onde T, si ce n'est qu'elle est normalement positive sur les deux premières dérivations Holter.

Une hyperkaliémie^{VII}, ou le stade précoce d'un infarctus myocardique, peuvent être la cause d'amplitudes anormalement grandes de l'onde T ; ces deux pathologies nécessitant un traitement d'urgence. Les causes d'une faible amplitude sont l'hypokaliémie^{VII} par exemple, qui demande elle aussi parfois, dans les cas sévères, un traitement d'urgence. Mais dans l'un et l'autre cas, on s'intéressera à la modification de cette amplitude, par rapport à un enregistrement précédent par exemple : il existe en effet des variantes de la normalité avec de grandes ondes T ou même des ondes T quasi-inexistantes.

L'inversion de l'onde T sur l'une des deux premières dérivations peut être considérée comme anormale, et peut être la trace d'une zone ischémisée dans le myocarde (trace d'un infarctus ancien) ou d'un début d'ischémie (si accompagnée de douleurs thoraciques, angines de poitrine, ...) (Figure 17). À partir de la seule analyse de l'ECG, il n'est pas possible d'établir

^{VI} Hypercalcémie : excès de calcium dans le sang / Hypocalcémie : carence de calcium dans le sang.

^{VII} Hyperkaliémie : excès de potassium dans le sang / Hypokaliémie : carence de potassium.

un diagnostic différentiel de ces pathologies et de l'hyperventilation ou de l'embolie pulmonaire, qui peuvent également induire une inversion de l'onde T.



Figure 17 : Inversion de l'onde T sur la première dérivation Holter. Le dossier du patient indique la présence d'une zone ischémisée conséquence d'un petit infarctus.

L'absence de critère objectif sur la normalité ou non de l'amplitude de l'onde T, l'obligation de connaissance de la clinique et d'autres examens, et la nécessaire comparaison avec des ECG plus anciens ne rendent pas possible l'établissement d'un « diagnostic automatique » à partir de l'analyse de l'onde T : dans ce cas, l'apport spécifique d'une telle analyse réside dans la possibilité d'un suivi temporel de paramètres descriptifs de sa forme.

III.3.2 L'intervalle ST

En revanche, l'étude de l'intervalle ST se prête mieux à une approche informatique, car des critères de normalité sont clairement définis ; les dernières versions du logiciel Synetec possèdent un module d'analyse de la position du tracé de cet intervalle par rapport à la ligne de base.

L'intervalle est repéré entre la fin de l'onde S et le début de l'onde T, et, en l'absence de pathologie, doit lui correspondre un segment linéaire d'amplitude constante et nulle (au niveau de la ligne isoélectrique du cœur ou ligne de base) ; les observations d'un sur-décalage ou d'un sous-décalage (Figure 18) par rapport à cette ligne sont en général associées à une souffrance cardiaque par hypoxie (début d'ischémie), en particulier lorsque ces décalages sont variables au cours du temps (lors d'un effort ou, au contraire, dans une phase de sommeil par exemple).

Ainsi, la surélévation du segment ST peut s'observer dans des situations diverses, depuis une variante de la normale, jusqu'à un risque vital comme le risque d'un infarctus du myocarde. Comme dans l'analyse de l'onde T, des informations complémentaires à l'enregistrement Holter sont nécessaires pour permettre l'établissement d'un diagnostic, et l'information contenue dans un ECG 12 dérivations constitue l'une de ces informations complémentaires.

Mais, plus encore que dans le cas de l'onde T, le suivi temporel des caractéristiques de ce segment, en particulier de sa position par rapport à la ligne de base, constitue un élément d'information tout à fait majeur.



Figure 18 : Sous décalage ST. Entre le complexe QRS et l'onde T, le segment est à un potentiel négatif par rapport au niveau de la ligne de base. Il s'agit d'un sous décalage ST trace, ici, d'un infarctus passé.

La sous-élévation d'un segment ST peut également traduire une souffrance cardiaque, comme pour la surélévation, mais aussi une interaction médicamenteuse, par exemple ; là encore l'étude précise du dossier médical du patient est obligatoire pour poser le diagnostic.

L'étude de cet intervalle est donc fondamentale pour attirer l'attention du praticien sur le risque d'apparition de pathologies potentiellement majeures.

Résumé :

L'analyse automatique du tracé Holter comme elle est effectuée depuis déjà quelques années permet de mettre en évidence un grand nombre de pathologies cardiaques, notamment celles où *la fréquence cardiaque* et/ou *la régularité des battements* sont anormales, (*bradycardies, tachycardies, bigéminismes, ..*). De plus une étude simple de la forme des complexes QRS permet de distinguer les complexes d'origine supraventriculaire des *extrasystoles ventriculaires*.

Cependant la caractérisation précise des pathologies sous jacentes aux anomalies détectées n'est pas encore vraiment accessible, car elle nécessite, en général, l'analyse de la présence des ondes autres que le QRS. Citons, par exemple, la distinction entre une *bradycardie sinusale* et une *bradycardie jonctionnelle* qui impose l'analyse de la présence ou non de l'onde P. En outre, toutes les pathologies qui se traduisent uniquement par des distances anormales entre les ondes et/ou des absences d'ondes ne peuvent aujourd'hui être décelées automatiquement^{VIII}.

Ainsi, la méthode proposée dans ce qui suit, permettant un repérage précis et continu de *toutes les ondes* caractéristiques P, Q, R, S et T du battement, devra permettre de localiser plus précisément *toutes les zones du signal susceptibles de porter la trace d'un comportement anormal du cœur* sur les 24 heures de l'enregistrement Holter.

^{VIII} Notons l'exception de la pathologie dite du « QT long » que le logiciel Synetec permet de détecter.

La détection robuste des complexes QRS constitue le préalable à toute analyse du signal ECG multipiste. Ce chapitre présente la méthode développée et utilisée dans le cadre de notre étude. Elle comporte deux étapes : dans un premier temps, on repère les ondes R (ou QS) sur chacune des pistes¹ prises séparément, c'est la *détection monopiste*. Idéalement, les résultats devraient être les mêmes quelle que soit la piste considérée. Néanmoins, divers éléments, dont le niveau de bruit ou la projection du signal, sont à l'origine de différences ; la deuxième étape de la détection des complexes QRS consiste donc à synthétiser ces informations partiellement contradictoires, afin d'obtenir une indexation unique. On appelle cette étape la synthèse multipiste.

I La détection monopiste

Cette partie présente les détails de la première étape : la détection des complexes QRS sur une piste unique.

À première vue, cette détection semblerait pouvoir être effectuée par un simple seuillage du signal (Figure 1), car les ondes R sont en général de plus grande amplitude que les autres. Mais ce n'est pas le cas chez tous les patients : parfois, l'onde T est d'amplitude comparable, ce qui pourrait être une sérieuse cause d'erreur (Figure 2). Une bonne détection des complexes QRS nécessite donc un traitement du signal plus élaboré. Nous présentons ici une méthode de filtrage numérique non linéaire du signal. L'idée générale est d'exploiter non seulement la grande dynamique des ondes R, mais aussi une propriété qui leur est propre : leurs variations rapides.

¹ Les termes *piste* et *voie* seront indifféremment employés dans la suite du mémoire. On parle en effet aussi bien de piste d'enregistrement que de voie d'enregistrement.



Figure 1: Enregistrement ECG, base MIT patient 101



Figure 2: Enregistrement ECG base MIT patient 217. L'onde T est aussi importante en amplitude que le complexe QRS. En revanche, quelque soit le patient, les ondes R varient plus rapidement que les autres.

Ce premier algorithme comprend six étapes. En dehors de la dernière (6-seuillage adaptatif), il est largement inspiré de la technique présentée par Pan J. et Tompkins W.J. [Pan, 1985] ; il se décompose de la manière suivante (Figure 3) :

- 1 – Filtrage passe bande
- 2 – Dérivation
- 3 – Transformation non linéaire
- 4 – Intégration
- 5 – Filtrage passe bas
- 6 – Seuillage adaptatif.

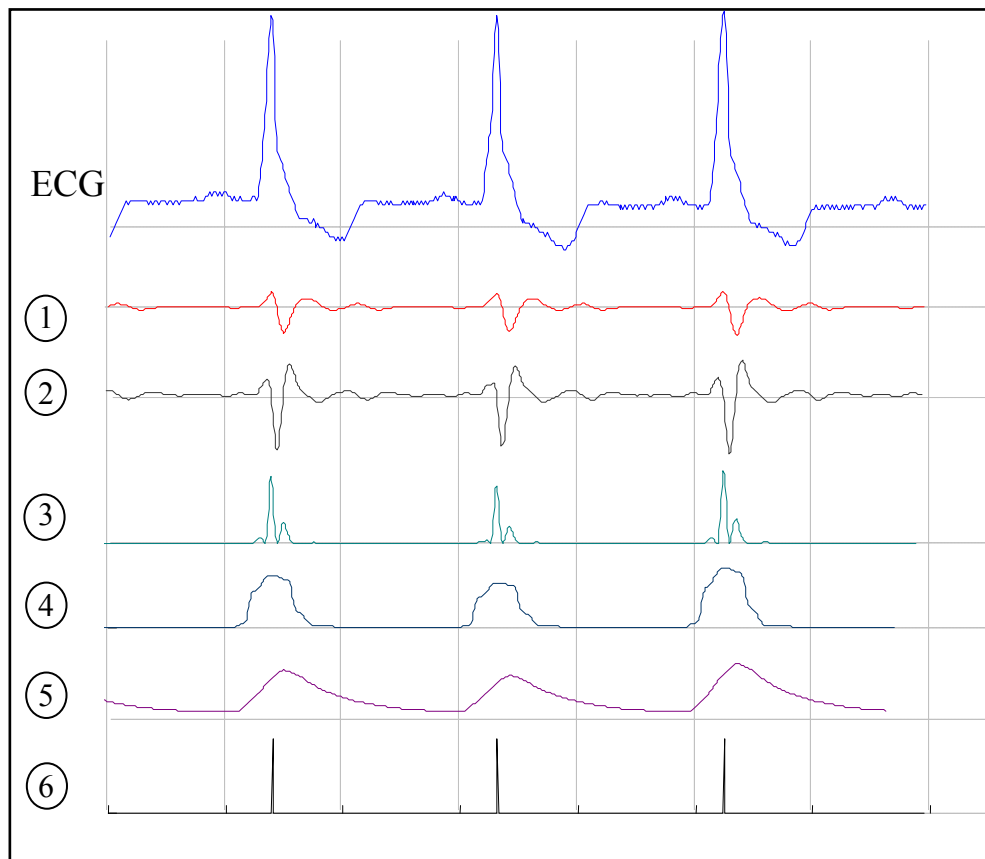


Figure 3: Décomposition des six étapes de l'algorithme :

- 1- *filtrage passe-bande,*
- 2- *dérivation,*
- 3- *transformation non-linéaire,*
- 4- *intégration,*
- 5- *filtrage passe-bas,*
- 6- *détection du maximum.*

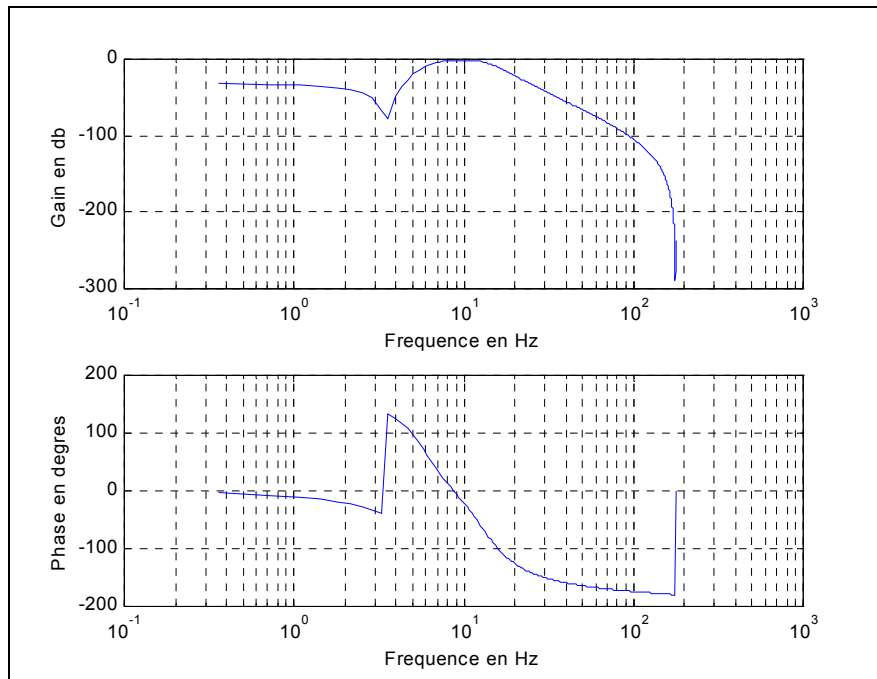
I.1 L'Algorithme

Dans la suite, nous décrivons en détail les six étapes de l'algorithme de la Figure 3. Les valeurs numériques des expressions littérales proposées ici correspondent à un signal échantillonné à 200Hz, mais l'algorithme s'adapte à toutes les fréquences d'échantillonnage.

I.1.1 Filtrage passe-bande (Figure 3-1)

D'après les données physiologiques, les ondes R ont une énergie maximale dans la bande 5-15 Hz [Thakor, 1984]. Il est donc naturel de commencer par un filtrage du signal dans cette bande.

Le filtre utilisé est un filtre numérique récursif de bande passante 5-15 Hz, d'ordre 4 (Figure 4).



**Figure 4: Filtre IIR d'ordre 4 passe bande [5-15 Hz].
Réponse en amplitude et en phase du filtre dont l'équation est (Eq. 1)**

La fonction de transfert en z du filtre est :

$$H = \frac{Y}{X} = \frac{0.020 - 0.040z^{-2} + 0.020z^{-4}}{1 - 3.4390z^{-1} + 4.5302z^{-2} - 2.7382z^{-3} + 0.6413z^{-4}} \quad \text{Eq. 1}$$

où X est l'entrée et Y la sortie.

1.1.2 Dérivation (Figure 3-2)

Le complexe QRS étant bref (entre 0.02 et 0.2 seconde), et de forte amplitude, la dérivé du signal à ce niveau présente des valeurs maximales élevées. On continue donc le traitement du signal par l'application d'un filtre dérivateur numérique, par exemple :

$$H = \frac{Y}{X} = 1 + 2z^{-1} - 2z^{-3} - z^{-4} \quad \text{Eq. 2}$$

1.1.3 Transformation non linéaire (Figure 3-3)

Afin d'accentuer le contraste mis en évidence par la dérivation, on élève au carré le signal obtenu, ce qui permet, en outre, d'éliminer le signe et d'assurer la symétrie de détection entre les ondes R et les ondes QS.

1.1.4 Intégration (Figure 3-4)

L'intégration du signal suivi du filtrage passe bas (cf. I.1.5 Filtrage passe bas) permet d'obtenir un maximum unique pour chaque complexe. La taille de la fenêtre d'intégration doit être adaptée à la largeur moyenne d'un complexe QRS. Si elle est trop grande, le maximum est décalé en temps par rapport à la position du R (influence de l'onde T) ; si, au contraire, elle est trop petite, on obtient plusieurs pics pour une même onde R. La taille, choisie ici de manière empirique, est de 0.15 seconde [Pan, 1985] ce qui correspond au double de la largeur moyenne d'un complexe QRS.

1.1.5 Filtrage passe bas (Figure 3-5)

Le signal obtenu est filtré passe-bas afin d'enlever le bruit haute fréquence résiduel, et d'obtenir un maximum unique pour chaque complexe.

Le filtre est un filtre récursif d'ordre 1 de fréquence de coupure 1 Hz.

$$H = \frac{Y}{X} = \frac{0.015 + 0.015z^{-1}}{1 - 0.9690z^{-1}} \quad \text{Eq. 3}$$

1.1.6 Seuillage adaptatif (Figure 3-6)

À l'issue du traitement précédent, le signal disponible possède un maximum absolu pour chaque complexe QRS ; il possède en outre d'autres maxima locaux, de plus faible amplitude en général, qui correspondent soit à du bruit, soit aux ondes T. Cette étape consiste donc en une recherche de maxima capable de ne pas prendre en considération les maxima trop faibles qui peuvent correspondre au bruit en effectuant un seuillage en amplitude et ceux trop proches qui risquent d'être introduits par les ondes T en effectuant un seuillage temporel ; ces deux types de seuillage sont décrits aux paragraphes suivants.

En outre, l'amplitude des battements pouvant varier fortement au cours d'un même enregistrement et d'un enregistrement à l'autre, les seuils utilisés ne peuvent pas être fixés a priori : ils sont donc calculés tout au long de l'analyse.

I.1.6.a Seuil adaptatif en amplitude

Le seuillage en amplitude permet de distinguer les maxima correspondant aux ondes R de ceux correspondant aux ondes T qui sont en général beaucoup plus faibles.

L'algorithme calcule un seuil qui vaut 30 % de l'amplitude moyenne des 5 dernières ondes R détectées, et recherche le prochain maximum. Si ce maximum est d'amplitude supérieure au seuil, il est considéré comme correspondant à un complexe QRS et est ainsi validé ; sinon, l'algorithme continue jusqu'au maximum suivant (Figure 5).

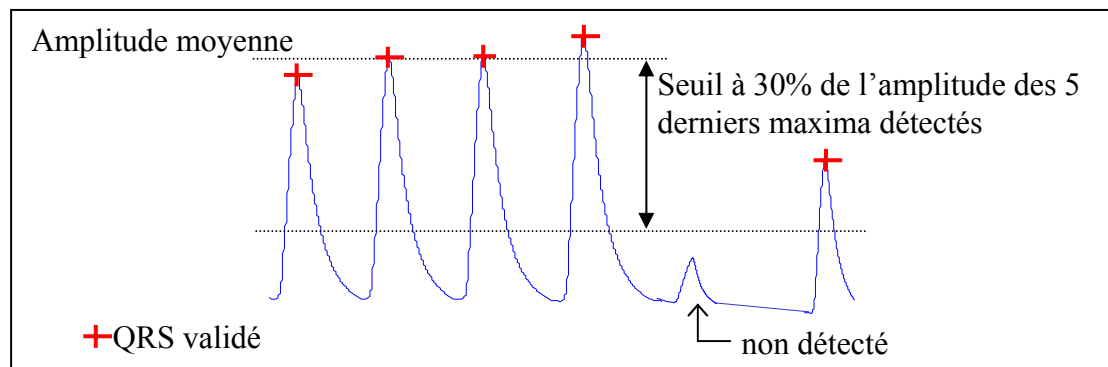


Figure 5 : A partir des 5 QRS précédents, l'algorithme calcule un seuil. Un maximum est validé comme complexe QRS s'il est supérieur au seuil

Autrement dit, on recherche ici les maxima du signal qui sont supérieurs à un seuil ajusté tout au long de l'algorithme. Mais cette simple adaptation du seuil en amplitude ne suffit pas : dans plusieurs cas (changement de position, extrasystole ventriculaire, ...) on peut observer une baisse soudaine de l'amplitude des ondes R donc de l'amplitude des maxima associés ; dans ce cas, l'algorithme est mis en défaut car les maxima sont tous en dessous du seuil.

I.1.6.b Seuil adaptatif en temps

Pour surmonter cette difficulté, on tient compte de la forte probabilité d'observer un QRS dans un certain intervalle de temps : si aucun nouveau complexe n'est détecté dans un

intervalle de 166% de la moyenne des sept derniers intervalles RR validés, l'algorithme recommence la recherche de maximum avec un seuil abaissé à 10% de la moyenne des 5 derniers maxima, au lieu des 30% précédents (Figure 6).

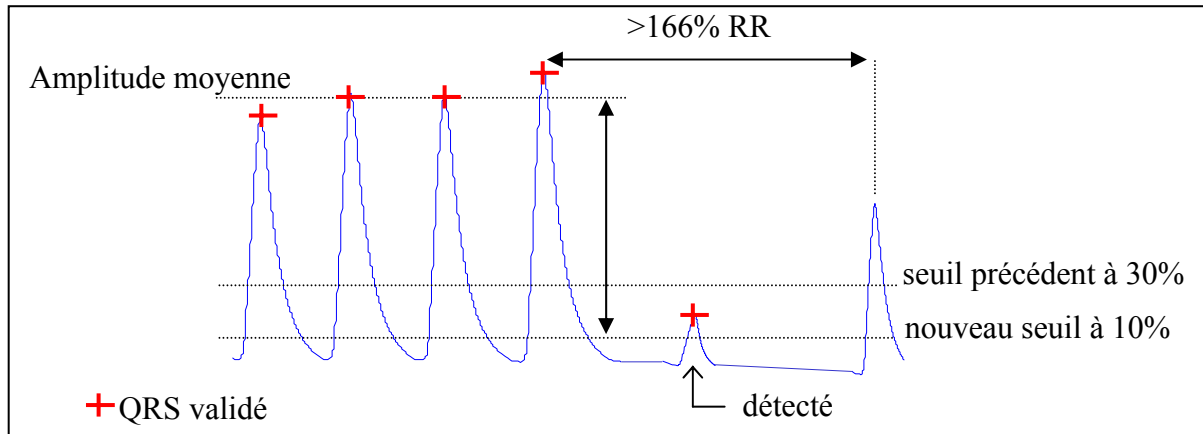


Figure 6 : Si aucun QRS n'est détecté avant un certain temps - 166% de l'intervalle RR moyen des 5 derniers complexes validés -, l'algorithme recommence la recherche de maximum avec un seuil abaissé à 10% de la moyenne des amplitudes des 5 derniers maxima validés.

Ce système permet dès lors la détection de petits complexes parmi d'autres de grande amplitude, tout en ne détectant pas les petites ondes trop proches de celles déjà validées.

1.2 Résultats

L'algorithme a principalement été validé par l'étude de la base MIT, dans laquelle chaque complexe QRS a été annoté manuellement. Ici, l'algorithme étant monopiste, l'analyse porte uniquement sur la première voie des enregistrements. L'analyse simultanée des voies est présentée au paragraphe suivant.

Le taux de réussite global sur cette base est de 98.90%. Sa distribution est représentée ci-dessous. Il devient 99.43% lorsque l'on exclut la valeur extrême (erreur de 18%) qui n'est pas liée à une erreur de détection (cf. I.2.1 Cas de la tachycardie ventriculaire).

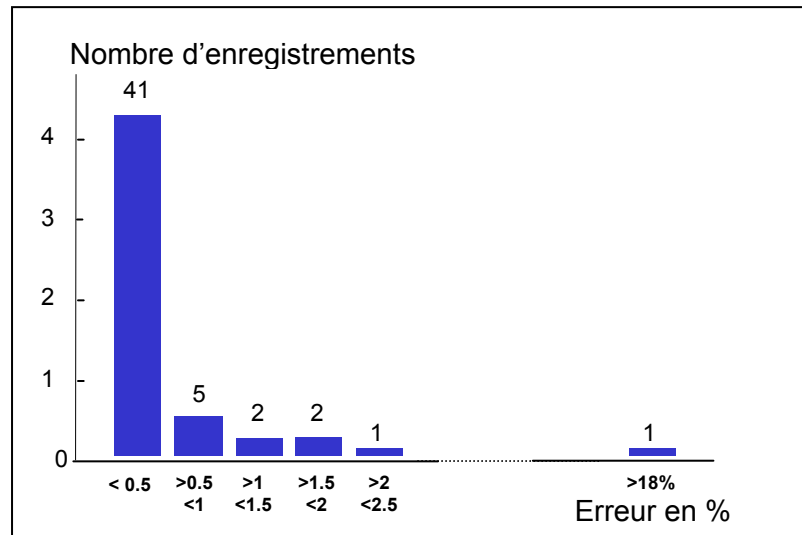


Figure 7 : Nombre d'enregistrements sur la base MIT par tranche de pourcentage d'erreur. Le calcul est basé sur les faux positifs (FP) et les faux négatifs (FN). Cf. Annexe A.

Le détail complet des résultats sur chaque enregistrement de la base est présenté en annexe A du mémoire.

1.2.1 Cas de la tachycardie ventriculaire

Les 18% d'erreur de la Figure 7 apparaissent pour une pathologie particulière : le patient présente des périodes de tachycardie ventriculaire. Pendant ces périodes, les annotations sont absentes des bases de données car les ondes ne peuvent être identifiées comme des ondes R. En revanche, notre algorithme repère les maxima de cette période et place des annotations à la fréquence de la tachycardie (Figure 8) Le patient présentant 5 périodes de tachycardie, la différence entre les deux types d'annotation explique le taux d'erreur très élevé.

Loin d'être une faute, la détection des maxima de la tachycardie nous paraît offrir un grand avantage puisqu'elle permettra, dans le traitement ultérieur du signal, l'étiquetage de ce grave trouble du rythme.

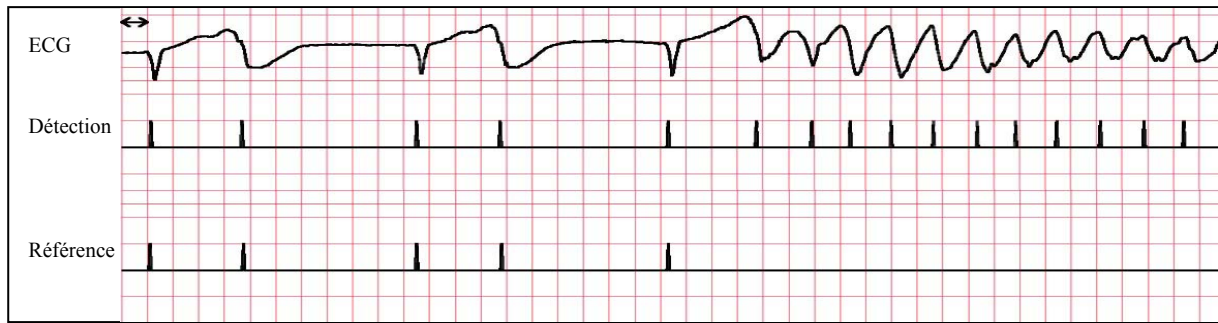


Figure 8 : Dans le cas d'une tachycardie ventriculaire (patient 207), le taux d'erreur est très élevé car le patient présente des périodes de tachycardie ventriculaire à cinq reprises. Pendant ces périodes, les annotations de références sont absentes, en revanche notre algorithme annote l'enregistrement à la fréquence de la tachycardie.

1.2.2 Cas des extrasystoles de faibles amplitudes

Le point faible de l'algorithme est la détection des extrasystoles de faible amplitude (Figure 9).

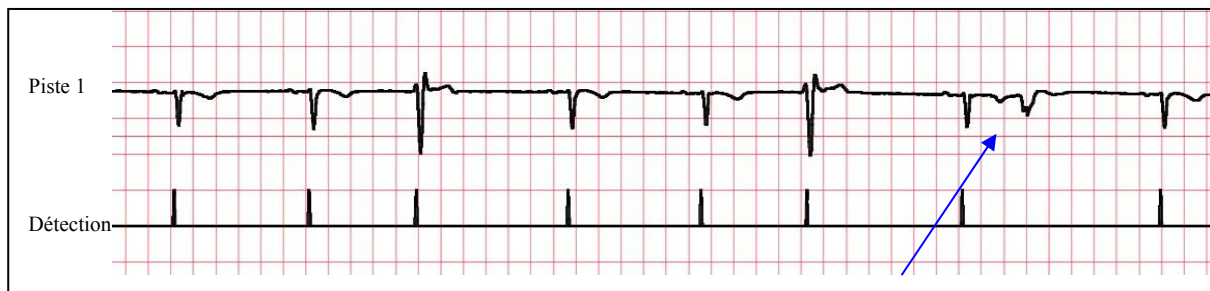


Figure 9 : Problème de détection des ESV de faible amplitude

Celles-ci sont assimilées par le programme à des ondes T car leurs amplitudes et leurs vitesses de variations sont du même ordre.

On peut imaginer que, sur un enregistrement multivoies, la projection de cette même extrasystole sur une des autres voies sera de forte amplitude et sera ainsi détectée finalement par l'algorithme.

Sinon, le module d'annotation des ondes présenté au chapitre 8 devra être capable de prendre en considération ce type de phénomène.

I.3 Conclusion

La détection monopiste présentée ici est de bonne qualité (99.43%) malgré les difficultés (bruit, irrégularité, faible dynamique) présentes dans certains enregistrements de la base MIT. Pour chacune des voies prise séparément, nous disposons donc de l'information sur l'emplacement des ondes R, ce qui constitue la première partie de l'algorithme. Il est maintenant nécessaire de synthétiser ces informations en une indexation unique des complexes QRS, qui seront dès lors des complexes validés.

II Analyse multipiste

II.1 L'algorithme

II.1.1 Présentation du problème

Idéalement, l'emplacement des ondes R détecté précédemment est le même sur toutes les voies, puisque celles-ci sont les projections d'un même signal^{II}. Mais, dans certain cas, des différences notables apparaissent, illustrées par les Figures 10 et 11 : enregistrements très bruités, extrasystoles ventriculaires ne se projetant que sur une piste, forte diminution d'un signal par décollage d'une électrode, etc...

Il est donc impératif d'ajouter un « organe de décision » qui synthétise les informations en provenance de chacune des voies, pour fournir une information globale et fiable sur l'emplacement des ondes R. Cette information est mise sous la forme d'un fichier qui contient la liste des temps d'apparition des complexes QRS, chaque temps constituant l'indexation d'un complexe QRS.

^{II} En dehors d'un léger décalage temporel dans la détection des ondes R qui correspond au temps de propagation du signal sur les différentes projections.



Figure 10 : Cas de bruit BF sur la deuxième voie, la détection sur cette voie est fausse

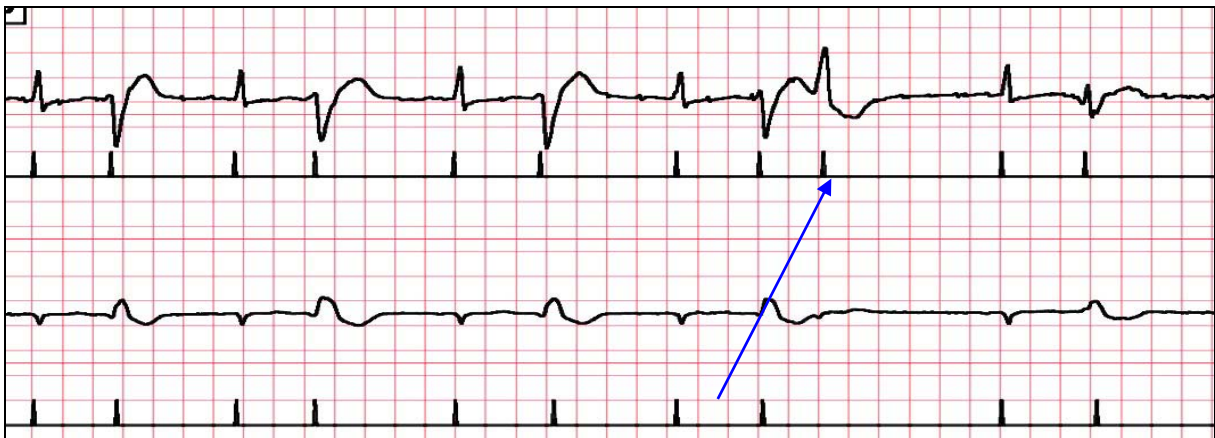


Figure 11 : L'extrasystole indiquée par la flèche ne se projette que sur la voie 1. La voie 2 ne l'a donc pas repérée.

II.1.2 Principe de l'algorithme

L'algorithme parcourt les différentes voies de manière synchrone en essayant d'associer à chaque complexe repéré sur une voie un complexe équivalent sur les autres. Deux complexes sont dit équivalents s'ils sont séparés de moins de 100 ms. Dès qu'il est impossible de trouver des complexes équivalents, une *incohérence* est repérée et une *décision* doit être prise. On appelle ordre de l'incohérence le nombre de couples de voies pour lesquelles la distance temporelle entre deux complexes associés est supérieure à 100ms.

Ainsi, pour chaque complexe problématique, on détermine l'ordre de l'incohérence afin de prendre une décision adéquate dans le choix final de la position de l'onde (Figures 12 et 13).

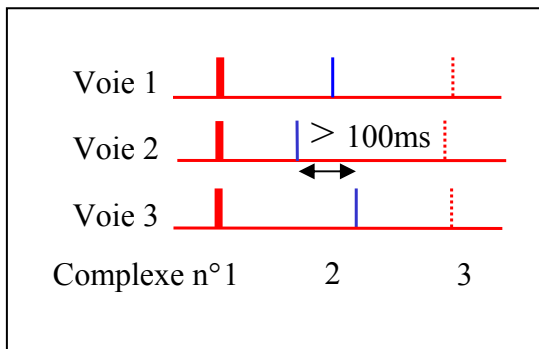


Figure 12 : Position des R sur chacune des voies. La détection du premier complexe est équivalente sur toutes les pistes, ce complexe ne pose pas de problème, il est donc validé (représenté en gras). En revanche, la détection du second complexe est décalée entre les pistes 2 et 3 (l'intervalle de temps est supérieur à 100 ms) ; et ne l'est pas entre les pistes 1-2 et 1-3. L'incohérence pour ce complexe est donc d'ordre 1.

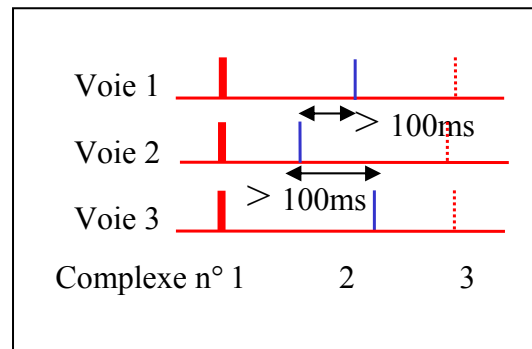


Figure 13 : Dans cet exemple, le complexe 2 pose un problème entre les pistes 1-2, et entre les pistes 2-3 (les deux distances sont supérieures à 100 ms). C'est donc une incohérence d'ordre 2.

Les Figures 14 et 15 représentent les différents cas possibles, et les décisions algorithmiques associées en fonction de l'ordre de l'incohérence, pour des enregistrements comportant 2 voies et 3 voies respectivement. Les dessins présentés dans ces schémas supposent une incohérence entre la voie 2 et une ou plusieurs des autres voies. Pour chacune des voies, on a représenté l'emplacement des ondes R issu de la détection monopiste.

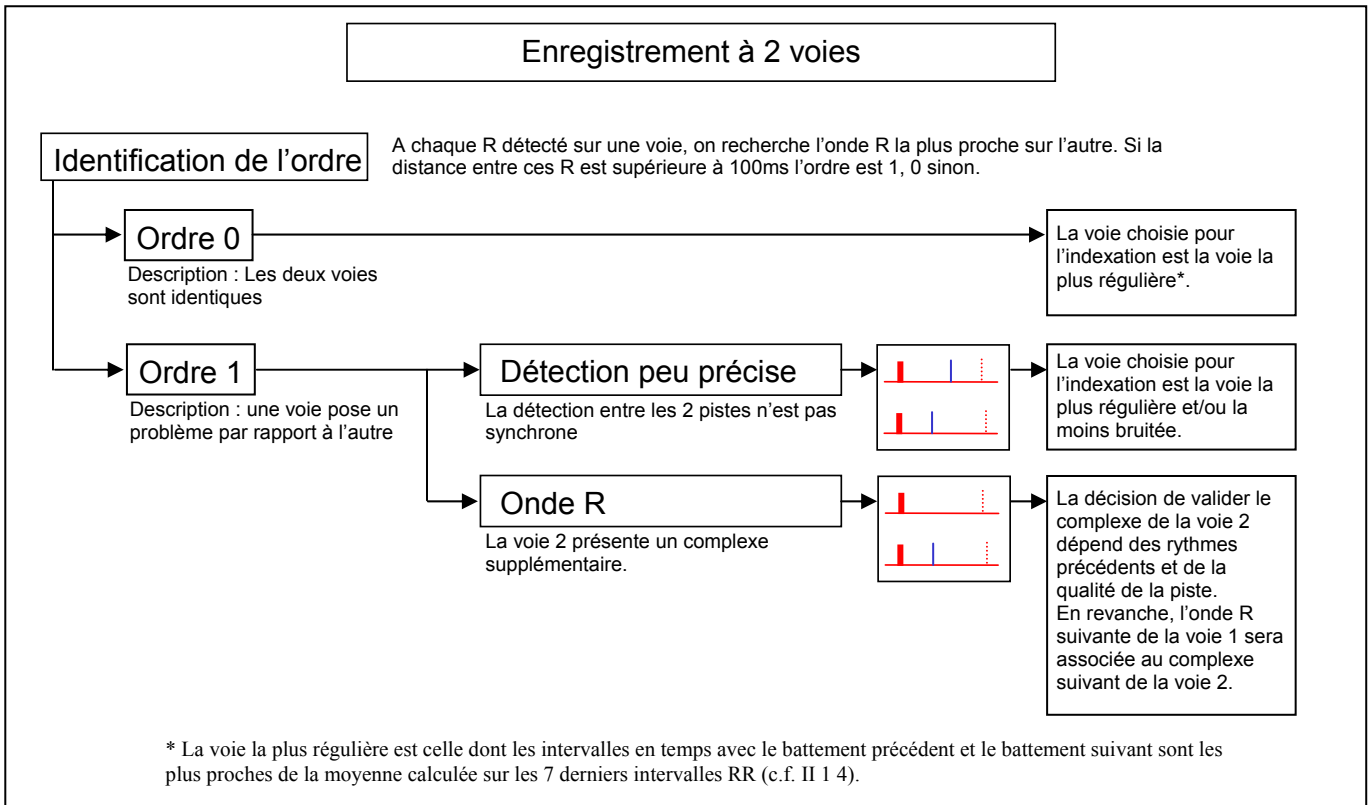


Figure 14 : Présentation des différents incohérences possibles suivant leur ordre et la décision algorithmique qui en résulte, pour un enregistrement à 2 voies.

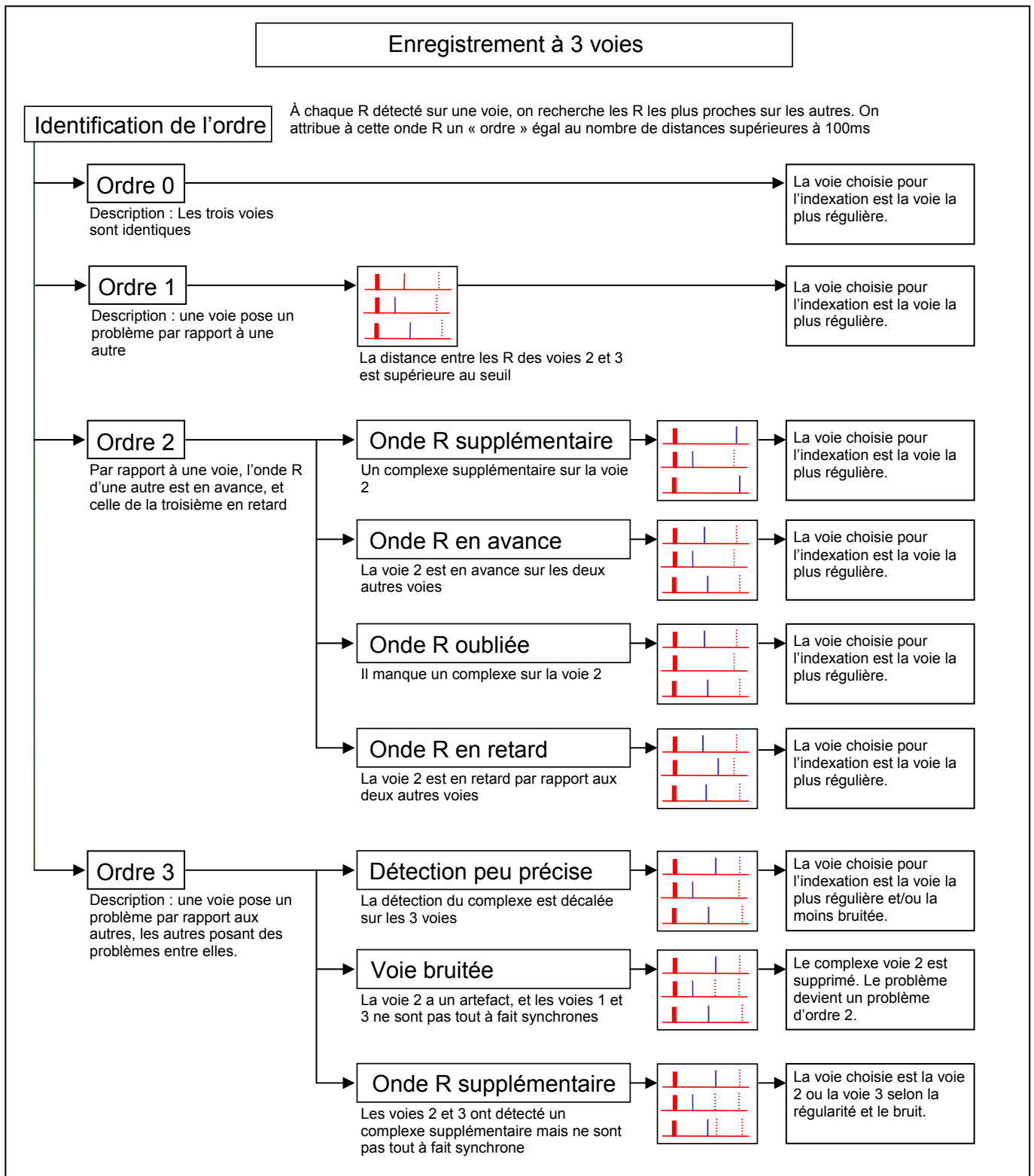


Figure 15 : Présentation des différents incohérences possibles suivant leur ordre et la décision algorithmique qui s'en suit pour un enregistrement à 3 voies.

II.1.3 Variables disponibles

En réponse à chaque incohérence, une décision est donc prise par l'algorithme, qui sélectionne une voie plutôt qu'une autre pour indexer les complexes. Pour prendre cette décision, on dispose d'un certain nombre de critères fondés sur des variables qui sont calculées soit pendant la phase d'analyse de la ligne de base (cf. chapitre 4 Analyse de la ligne de base), soit au fur et à mesure de la validation des complexes. Ces quantités caractérisent « l'environnement » du complexe dans l'enregistrement Holter.

II.1.3.a Variables de bruits

Pour chaque complexe QRS repéré lors de l'analyse monopiste, on dispose de la dynamique de l'onde R ainsi que d'une estimation du bruit HF et BF autour de cette onde. Ces variables ont été calculées pendant la phase d'analyse de la ligne de base (cf. Chapitre 4.II Estimation du bruit).

Lorsqu'une incohérence est détectée, ces données permettent, par exemple, de distinguer une erreur de détection due au bruit d'un battement ne se projetant que sur une piste.

II.1.3.b Variable de rythme

Cette variable est calculée au cours du parcours des voies et de la validation des complexes QRS : L'algorithme garde en mémoire les 7 derniers intervalles RR validés, et, lors de l'apparition d'une incohérence entre plusieurs voies, on favorise celles dont les intervalles RR correspondent à ceux déjà repérés.

II.1.3.c Variable de fiabilité

Comme la variable de rythme, celle-ci est calculée tout au long de l'algorithme de synthèse multipiste. L'idée est d'attribuer une note de fiabilité à chacune des voies : dès qu'un complexe est validé, on regarde quelle(s) piste(s) avait(ent) effectivement repéré ce complexe. Une piste qui avait repéré ce complexe « marque » un point, les autres ne « marquent » aucun point. En regardant les 20 derniers complexes validés, on attribue une note sur 20 à chacune des pistes. Ainsi, une piste qui n'a « raté » aucun des 20 derniers complexes et qui n'en a ajouté aucun se voit attribuer une note de 20, alors qu'une piste qui a « raté » 3 complexes et qui en a ajouté 1 n'a que 16.

Quant une incohérence se présente, on attribue d'autant plus d'importance à celle-ci que la note de fiabilité de la voie qui porte cette incohérence est grande. Cette variable est notamment efficace pour les enregistrements ayant une piste très bruitée : très vite, cette piste a une note de fiabilité très faible, et les incohérences de détection qu'elle engendre ne sont plus prises en considération.

II.1.4 Critères de décisions

Ainsi, une fois l'ordre de l'incohérence déterminé, l'algorithme valide ou non un complexe QRS, selon la valeur des paramètres présentés ci-dessus. À ce niveau du programme, on trouve donc un certain nombre de seuils de décision.

Prenons l'exemple d'un enregistrement à deux voies, sur lequel un complexe qui introduit une irrégularité est détecté sur la piste 1 (Figure 16) : c'est une incohérence d'ordre 1 (Figure 14, ordre 1, onde R supplémentaire).



Figure 16 : Un complexe a été détecté sur la voie 2 mais pas sur la voie 1 : c'est une incohérence d'ordre 1.

On admet que la détection a été jusqu'à présent parfaitement fiable sur les deux voies : les notes de fiabilité des voies sont toutes deux de 20.

L'algorithme cherche tout d'abord si le nouvel intervalle RR existe parmi les 7 intervalles précédents. Si c'est le cas, la voie 2 étant de bonne qualité, ce complexe sera facilement validé : les seuils sur le bruit HF, BF et la dynamique sont tels que la probabilité de rejet est faible. Or, d'après la Figure 16, ce n'est pas le cas : l'intervalle RR introduit par le

complexe piste 2 n'est pas identique à un des 7 précédents ; les seuils HF et BF sont donc très stricts et le rejet plus probable. Mais la très bonne qualité de la voie 2, et le fort bruit BF sur la voie 1, permettront à ce complexe d'être validé par l'algorithme.

Ce type de décision algorithmique intervient à chaque incohérence entre les pistes, pour finalement aboutir à un indice général des complexes QRS, valable pour l'ensemble des pistes de l'enregistrement. Il sera utilisé notamment pour décomposer l'enregistrement en fenêtres contenant un unique battement P-QRS-T en vue d'une analyse fenêtre par fenêtre, et pour les analyses de rythmologie.

II.2 Résultats

L'algorithme de détection multipiste a été testé sur les 48 enregistrements de la base MIT. La Figure 17 présente la distribution des erreurs entre la détection issue de l'algorithme et les annotations de la base. Le taux de réussite global est de 99.38 %.

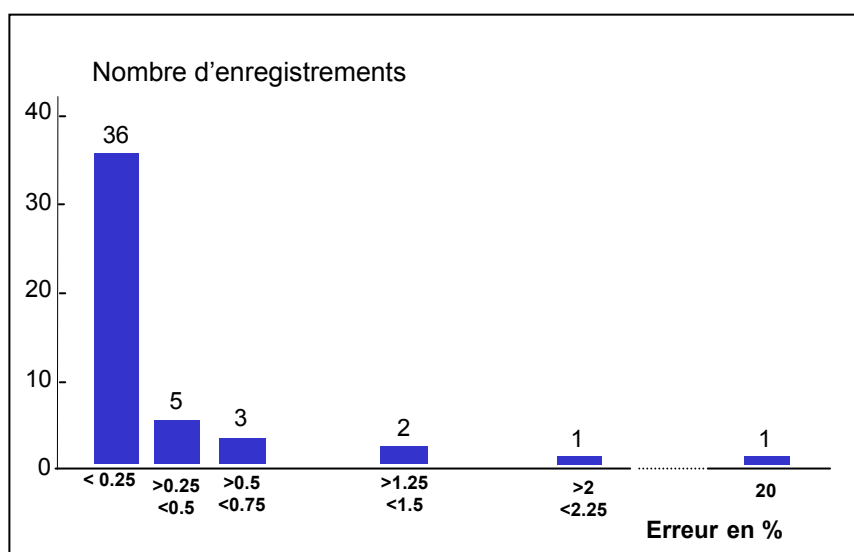


Figure 17 : Nombre d'enregistrements de la base MIT réparti par tranche d'erreur en %.

Comme pour l'analyse monopiste, l'enregistrement qui introduit une erreur de 20% est celui qui présente des périodes de tachycardies ventriculaires comptées comme erreurs. Les autres erreurs interviennent principalement pendant les zones bruitées. Ces zones étant repérées par l'algorithme, on peut suspendre l'analyse pendant ces périodes (Figure 18).



Figure 18 : Sur cet enregistrement (MIT 105) les deux voies sont très bruitées. En sortie, l'algorithme présente les indices de repérage des ondes R à l'envers pour signaler que les deux pistes ne sont pas fiables

Les résultats présentés sur la Figure 19 sont ceux calculés sur la base MIT, dans laquelle les zones trop bruitées n'ont pas été analysées. Le taux de réussite devient dans ce cas 99,91%. Le détail par enregistrement est présenté en Annexe A.

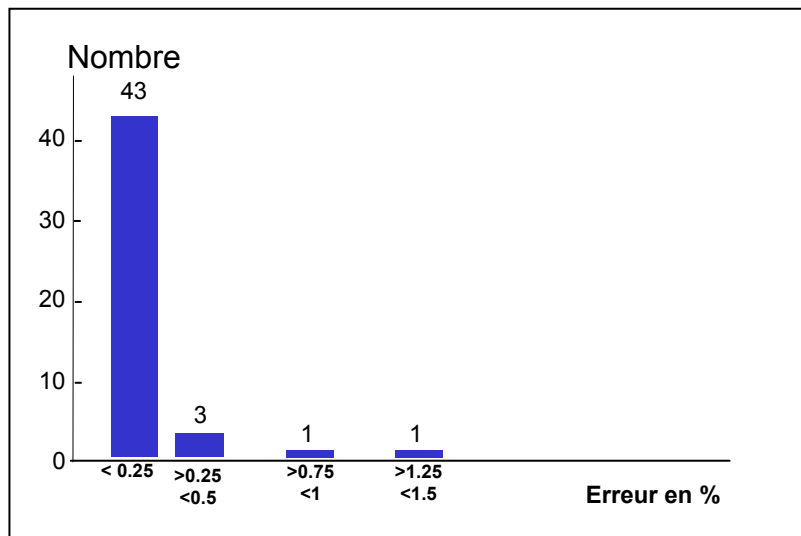


Figure 19 : Nombre d'enregistrements de la base MIT par tranche d'erreur en % après suppression des zones trop bruitées.

Il est intéressant de noter que les résultats en multipiste sont meilleurs que les résultats en monopiste (99.43%). L'algorithme a en effet choisi, à chaque instant, la meilleur piste pour valider les complexes QRS.

Résumé :

L'algorithme présenté ici permet donc une indexation des complexes QRS. Il analyse tout d'abord l'enregistrement piste par piste, puis synthétise ces informations en tenant compte de la fiabilité de chacune d'elles. Les résultats sur la base MIT indiquent qu'une détection de bonne qualité a été réalisée sur des enregistrements de patient atteint de diverses pathologies cardiaques. Le chapitre suivant présente une étape d'analyse qui intervient en réalité entre la détection monopiste des ondes R et l'indexation globale des complexes : la détection de la ligne de base et le calcul du bruit HF et BF.

On appelle *ligne de base* la ligne isoélectrique du cœur ; elle correspond au tracé qui serait observé sur un ECG si le cœur n'avait aucune activité électrique. Lorsque l'ECG est effectué en cabinet, ou pendant les périodes d'enregistrement nocturne du Holter, cette ligne est le plus souvent horizontale car le patient n'effectue aucun mouvement et le signal est peu perturbé par le bruit extérieur. En revanche, pendant la journée, les mouvements du patient modifient les positions relatives des électrodes, de sorte que cette ligne présente un tracé ondulé.

Pour l'analyse d'un enregistrement ECG, un œil exercé fait abstraction de cette ligne : elle est prise comme référence pour étudier la forme et la hauteur des différentes ondes cardiaques ; néanmoins, dans l'objectif d'un traitement automatique d'un tel signal, il est impératif de la repérer précisément pour fixer le « zéro ». Dans l'algorithme global du traitement du signal ECG, l'analyse de la ligne de base s'effectue après la détection monopiste des complexes QRS (cf. chapitre 3.I Détection monopiste), et avant la synthèse multipiste. En effet, grâce à la recherche de cette ligne sur chacune des pistes de l'ECG, on peut obtenir différents *indices de fiabilité* pour chacune d'elles ; de même, nous définirons des indices de fiabilité à partir de l'estimation de bruits à haute fréquence (HF) et à basse fréquence (BF), indices qui sont nécessaires à la synthèse multipiste.

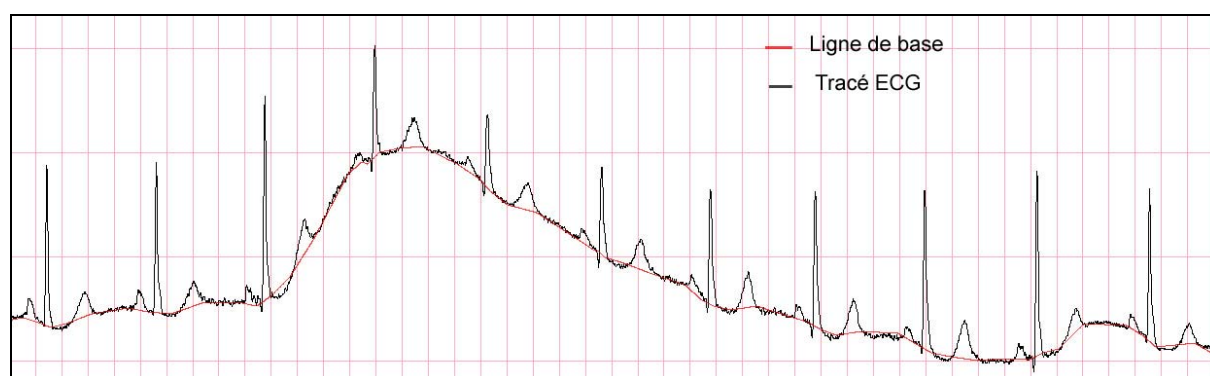


Figure 1: Pendant un enregistrement Holter, il est fréquent d'observer une forte variation de la ligne isoélectrique du cœur (ligne de base), variation principalement due aux mouvements du patient.

Nous présentons ici les grandes lignes de cette analyse. Le détail des algorithmes et le choix des paramètres sont présentés dans [Stephenson, 2000].

I Détection de la ligne de base

I.1 Motivation

Les méthodes le plus souvent utilisées pour estimer les variations de la ligne de base sont développées à partir de filtres fréquentiels passe-bas [Pan, 1985] : elles entraînent généralement une déformation du signal, et sont inefficaces lors de variations brutales d'amplitude (bruits haute fréquence).

Pour éviter ces difficultés, on effectue fréquemment l'hypothèse suivante : le 0 mV de référence est repérable dans une petite zone entre l'onde P et une éventuelle onde Q, soit environ 40ms avant le pic formé par l'onde R. Le travail effectué au laboratoire par John Stephenson [Stephenson, 2000] a permis de mettre en évidence les limites d'une telle méthode dans de nombreux cas.

Nous avons donc développé ici une analyse aussi robuste que possible de la ligne isoélectrique, motivée par le fait que la qualité d'une modélisation des battements cardiaques telle que nous l'envisageons (cf. chapitre 6 Modélisation du battement cardiaque) dépend beaucoup de la bonne détection de cette ligne.

L'analyse présentée est constituée de deux étapes successives : tout d'abord, la recherche des *zones d'inactivités* du cœur, c'est-à-dire des périodes pendant lesquelles le cœur n'a aucune activité électrique (typiquement entre l'onde T d'un battement et l'onde P du battement suivant, ou entre l'onde P et une éventuelle onde Q) ; ces périodes se traduisent, sur l'enregistrement électrique, par des tracés représentant la ligne isoélectrique. Une interpolation du signal sur ces zones et une extrapolation en dehors de ces zones permettent d'obtenir une approximation continue de la ligne de base sur tout l'enregistrement.

I.2 Segmentation du signal en zones

Entre la repolarisation ventriculaire d'un battement (onde T) et la systole auriculaire du suivant (onde P), le cœur présente une période d'inactivité mécanique et électrique ; nous

souhaitons tout d'abord repérer ces zones afin d'estimer ensuite l'évolution de la ligne de base. L'algorithme utilisé est emprunté au traitement d'images, où il est utilisé pour la segmentation : c'est l'algorithme de Marr-Hildreth [Marr, 1980], également connu sous le nom de « zeros crossing ». Il consiste en l'application d'un filtre particulier possédant une double propriété : *sa localisation en temps et en fréquence*. La réalisation pratique est effectuée par une convolution du signal ECG avec une fonction gaussienne.

Soit $s(t)$ le signal ECG, et $g(t)$ l'expression temporelle du filtre ; le signal filtré $f(t)$ s'écrit :

$$f(t) = \int s(\tau) g(t - \tau) d\tau \quad \text{Eq. 1}$$

$$\text{où } g(t) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp(-t^2/2\sigma^2) \quad \text{Eq. 2}$$

Selon [Marr, 1980], l'étude des zéros de la dérivée seconde du signal filtré $f(t)$ permet de repérer *les points d'inflexion du signal original* dont le nombre total est directement lié au choix du paramètre σ de la gaussienne (ici σ a été choisi égal à 20 ms [Stephenson, 2000]).

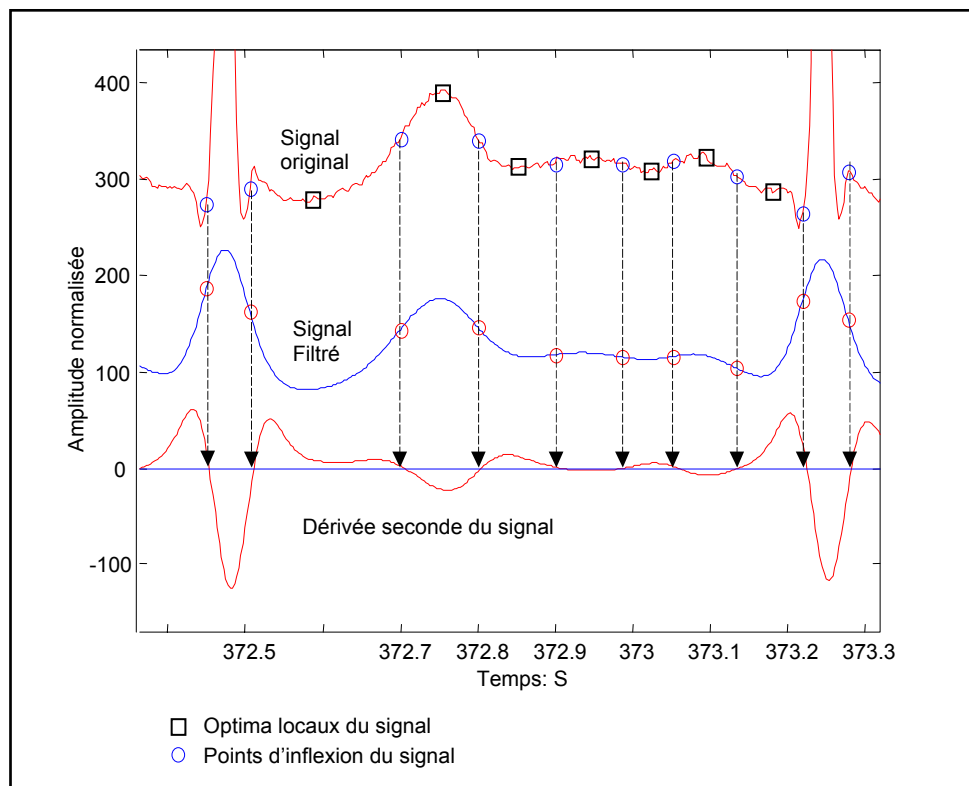


Figure 2 : L'étude des dérivées première et seconde du signal filtré permet de repérer les points d'inflexion de la courbe et les optima locaux. Ces valeurs sont utiles pour la création de « zones » qui seront ensuite étiquetées « active » ou « inactive ».

Une *zone* est définie entre deux points d'inflexion : elle comprend un maximum ou un minimum local repéré par l'étude de la dérivé première de $f(t)$. La valeur de cet optimum est comparée à un seuil adaptatif, ce qui permet d'associer à cette zone l'étiquette *actif* lorsque l'optimum est supérieur à ce seuil (ce qui traduit vraisemblablement la présence d'une onde cardiaque) ou *inactif*, lorsque l'optimum est inférieur (ce qui correspond vraisemblablement au repos cardiaque).

1.3 Interpolation et extrapolation

Dans les zones d'inactivité, le signal ECG représente la trace de la ligne isoélectrique ; pour en estimer l'évolution temporelle, on effectue donc une interpolation linéaire conventionnelle sur chacune de ces zones. On obtient ainsi une suite de segments qui modélisent cette ligne par morceaux disjoints (Figure 3).

Dans les zones d'activités, la variation de la ligne isoélectrique est masquée par les ondes cardiaques : on en fait une approximation linéaire à l'aide d'une droite joignant les deux extrémités des zones inactives voisines (Figure 3).

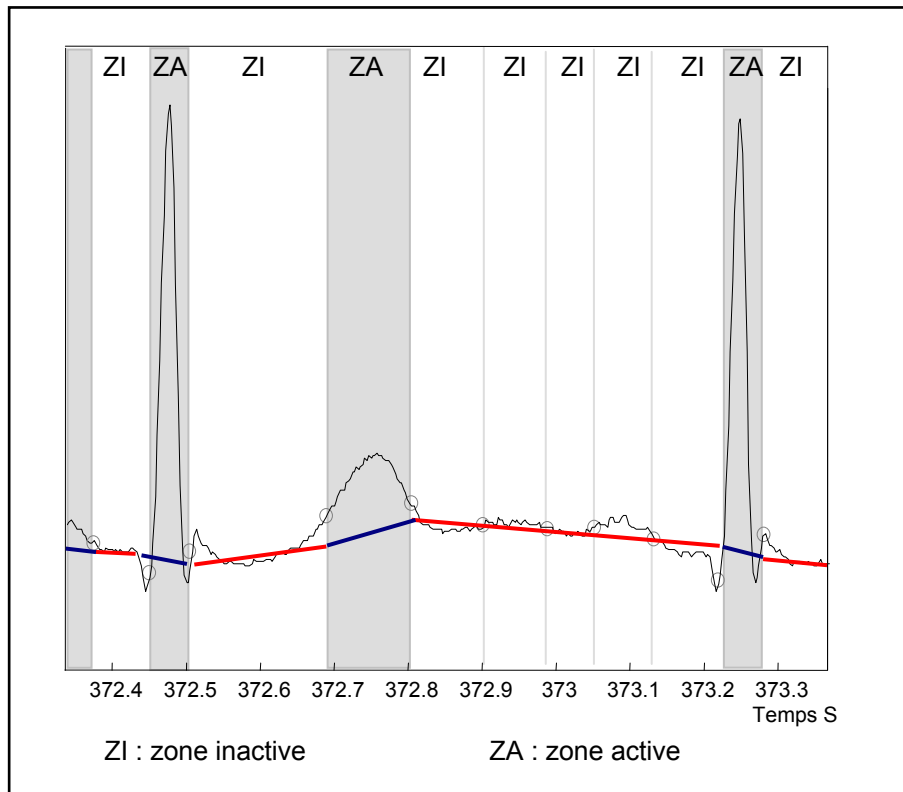


Figure 3 : Dans les zones inactives, la ligne de base est modélisée par une interpolation linéaire. Dans les zones actives, on se contente de relier les deux zones inactives adjacentes par une droite. Le signal de ligne de base obtenu consiste donc en une ligne brisée, continue.

La ligne de base est donc modélisée, sur chacune des pistes, par une ligne brisée continue. L'obtention d'un signal présentant une ligne de base horizontale, invariable dans le temps, se fait par simple soustraction au signal ECG de la ligne brisée qui modélise la ligne de base enregistrée.

1.4 Résultats

Nous présentons parallèlement, sur des exemples issus de la base MIT, l'ECG brut et son équivalent après correction de la ligne de base (Figures 4, 5 et 6). Le lecteur intéressé trouvera des résultats détaillés et des comparaisons avec les algorithmes existants dans [Stephenson, 2000]. La Figure 7 illustre la qualité de l'algorithme : elle présente l'évolution de l'erreur de modélisation de la ligne de base effectuée sur des signaux issus d'un simulateur de signal ECG, en fonction de la fréquence cardiaque et du bruit haute fréquence.

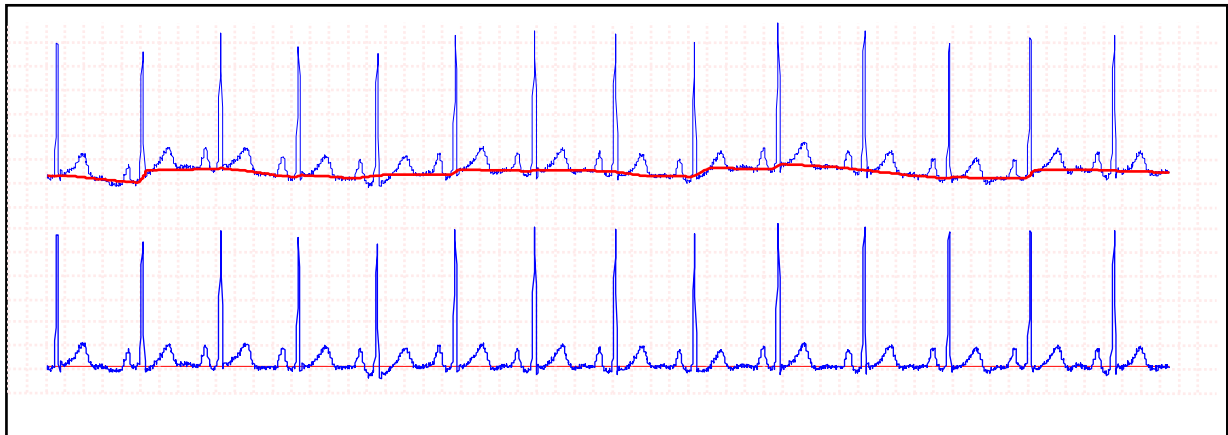


Figure 4 : Le signal du haut représente le signal original ; celui du bas représente le signal auquel le modèle en ligne brisée de la ligne de base a été soustrait. Pour des faibles variations de la ligne de base, le signal ECG n'est pas déformé par l'algorithme. L'amplitude de variation de la ligne de base sur le signal original est très typique de ce qui est habituellement observé lors d'enregistrements Holter. (MIT 212)

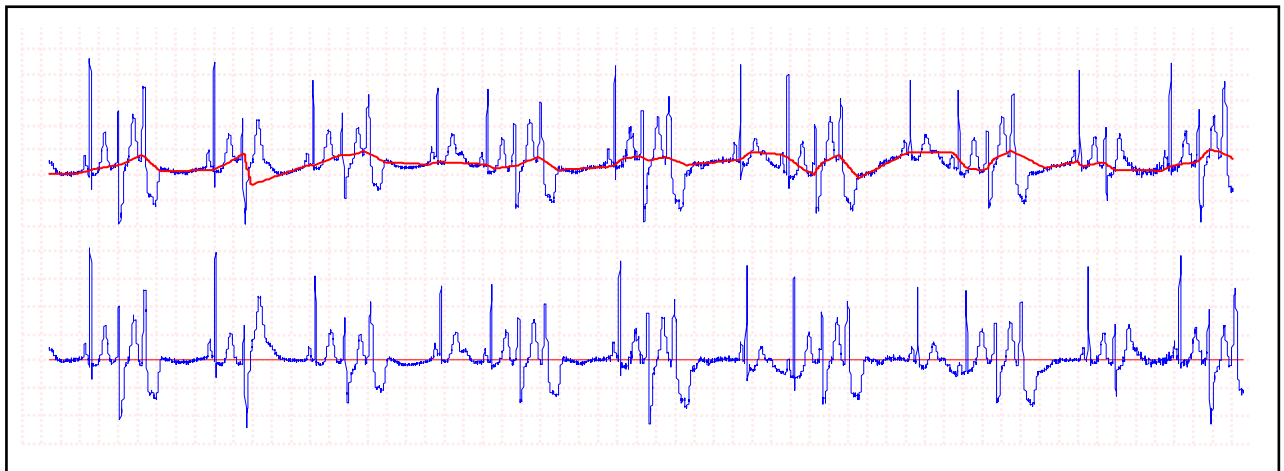


Figure 5 : L'absence de déformation du signal lors de la soustraction de la ligne de base permet de conserver toute l'information utile au cardiologue, comme l'illustre cet exemple où alternent battements normaux et extrasystoles ventriculaires. (MIT 203).

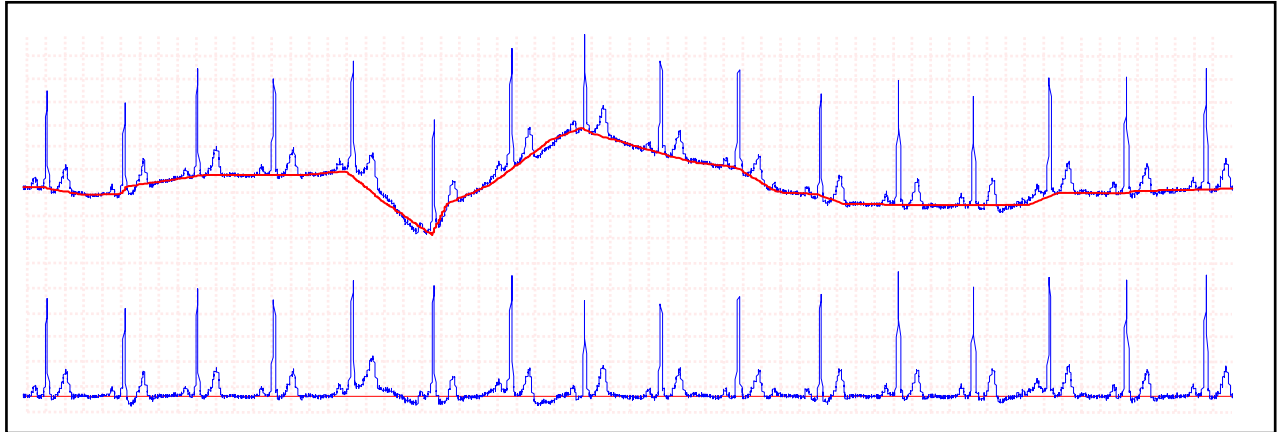


Figure 6 : Le signal original (en haut) présente une forte variation soudaine de la ligne de base ; le signal, après correction de la ligne de base (en bas), se dessine sur une base horizontale, avec une légère déformation du signal, perceptible au niveau du battement placé sur la plus forte variation. (MIT 202)

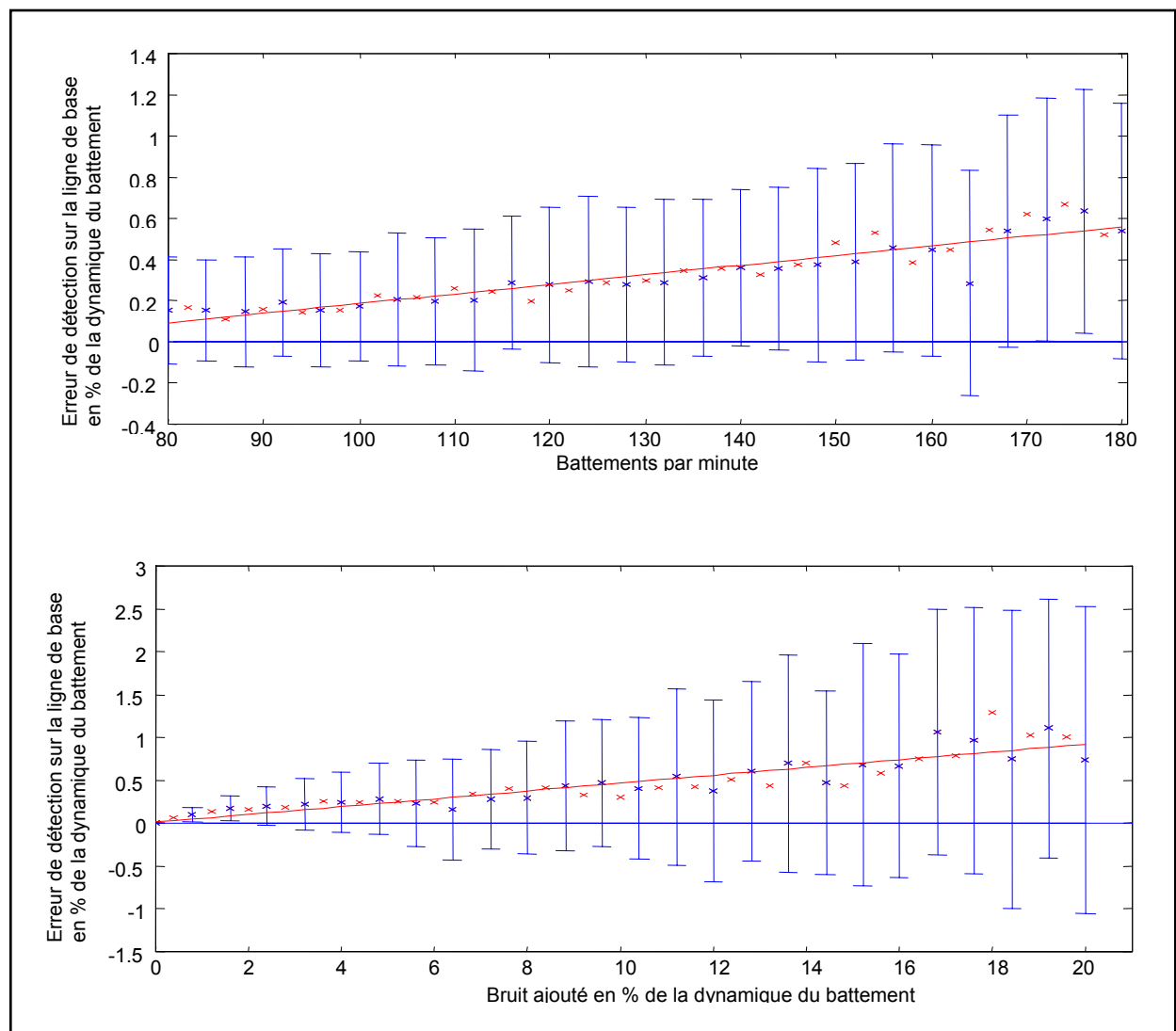


Figure 7 : Evolution de l'erreur d'estimation de la ligne de base en fonction (1) de la fréquence cardiaque pour un ECG présentant du bruit HF de 2% de l'amplitude du battement. (2) du pourcentage de bruit ajouté au signal pour un rythme de 120 BPM. [Stephenson, 2000]

II Estimation du bruit

Nous présentons ici la méthode d'estimation des bruits de haute fréquence (HF) et de basse fréquence (BF), pour chaque battement sur chacune des pistes. Les valeurs de ces deux paramètres sont particulièrement importantes pour la suite du traitement du signal, car elles servent à définir un indice de fiabilité de chacune des pistes à chaque instant. Elles sont notamment nécessaires à deux niveaux : (1) celui de la synthèse des informations *d'emplacement des ondes R*, comme présenté au chapitre 3, et (2) celui de la sélection des voies fiables pour le calcul des Composantes Principales présenté au chapitre suivant.

Les bruits HF et BF sont estimés au cours de l'algorithme de modélisation de la ligne de base : le bruit BF correspond à la variation de cette ligne d'un battement à l'autre et le bruit HF à la variation du signal autour de cette ligne.

II.1 Bruit BF

Le bruit BF d'un battement donné sur une piste donnée est ici estimé par le calcul de la variation de la ligne de base de part et d'autre du battement. Chaque battement étant normalisé en amplitude, ce bruit, calculé en pourcentage de cette amplitude, est ainsi normalisé ; il est donc possible de comparer les enregistrements du même battement sur des pistes différentes, ou de comparer les enregistrements de différents battements entre eux.

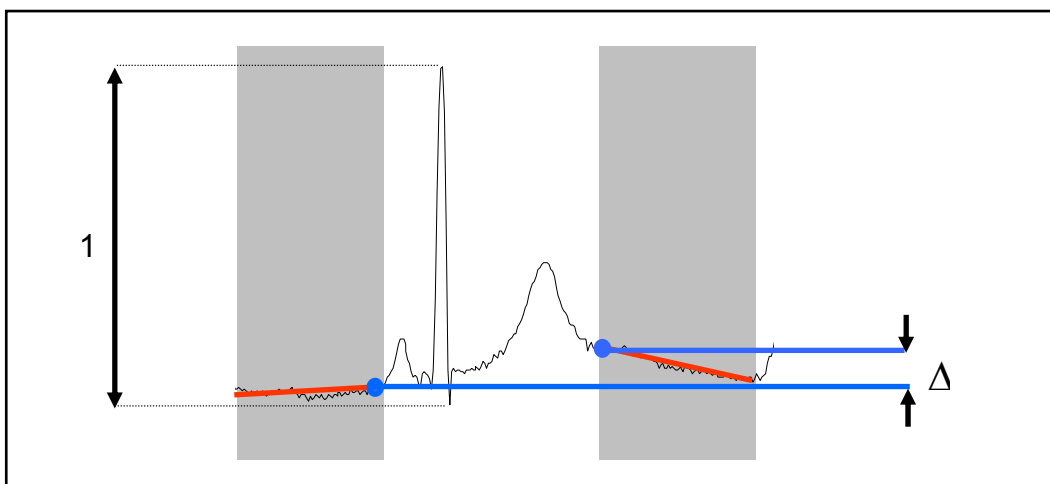


Figure 8 : Le bruit BF est estimé par la variation de la ligne de base d'une zone inactive précédant le battement à la zone inactive suivant le battement. Ici la valeur de Δ , correspondant au bruit BF, est normalisée par la dynamique du complexe.

La principale limite de cet algorithme apparaît lorsque que le rythme cardiaque est très rapide ; les périodes d'inactivités cardiaques sont alors mal repérées, et semblent inexistantes ; dans ce cas, l'erreur de modélisation de la ligne de base entraîne une erreur d'estimation du bruit BF.

II.2 Bruit HF

On suppose que le bruit HF est un bruit blanc gaussien¹. La première idée consistait à étudier la variation du signal autour de la ligne de base dans les zones d'inactivité – c'est-à-dire autour de chaque droite d'interpolation, mais [Stephenson, 2000] montre que cette méthode entraîne des distorsions trop importantes car l'approximation linéaire est trop grossière. La solution finalement retenue utilise le signal filtré par « zeros crossing », et estime les variations du signal original autour de ce signal filtré dans les zones inactives, évaluant l'écart-type de la distribution des valeurs du signal original dont on a soustrait le signal filtré (Figure 9).

Ici encore, les amplitudes étant normalisées, le bruit est ramené à la dynamique du complexe ce qui permet une comparaison plus facile d'un battement à l'autre et d'une piste à l'autre.

¹ Sans hypothèse précise sur le bruit ajouté au signal, on le suppose blanc gaussien. On sait, en outre, que du « bruit musculaire » dû à l'activité des autres muscles vient s'ajouter au signal, mais la quantification de ce dernier n'est pas envisagée ici.

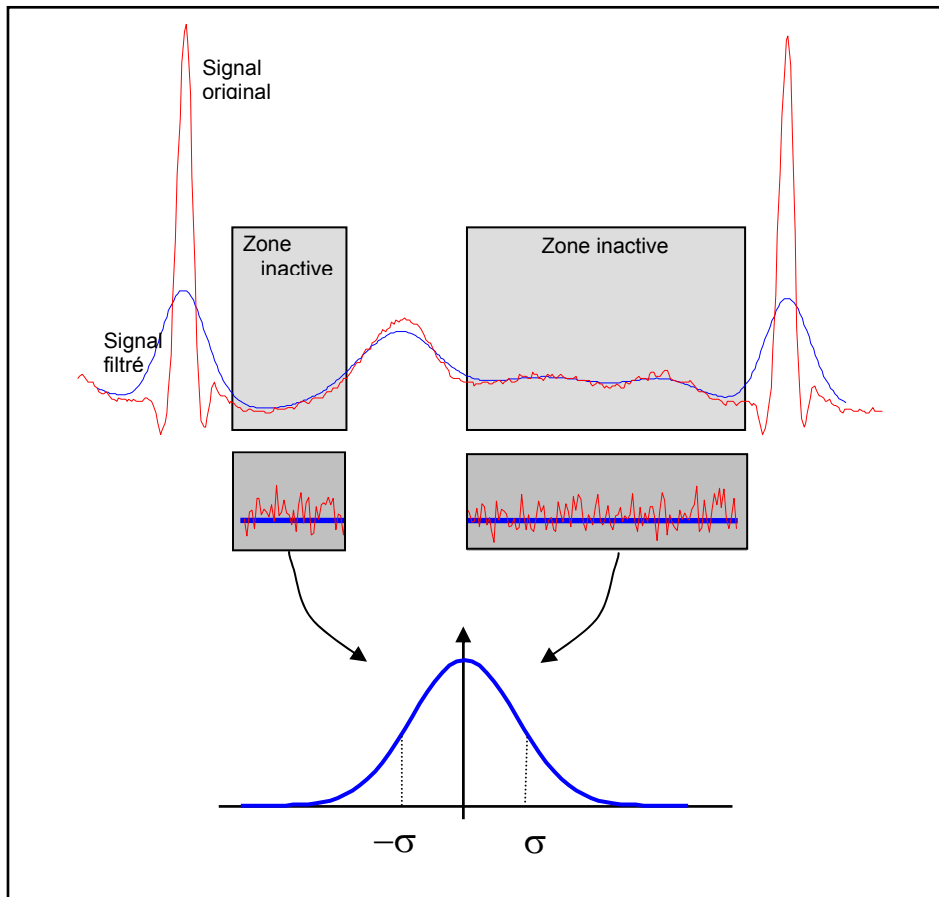


Figure 9 : Le bruit HF est caractérisé par l'écart type de la distribution des points du signal autour du signal filtré sur les zones d'inactivité. σ est normalisé par la dynamique du complexe.

La qualité de cette estimation dépend fortement du repérage des zones d'inactivité du signal. La variation de qualité est présentée (Figure 10) pour une fréquence de 100 BPM ; elle a été calculée grâce au simulateur de signal ECG pour lequel le bruit est un paramètre que l'on peut fixer. Des corrections numériques, directement calculées à partir de cette figure, ont été réalisées pour rendre l'estimation aussi fiable que possible.

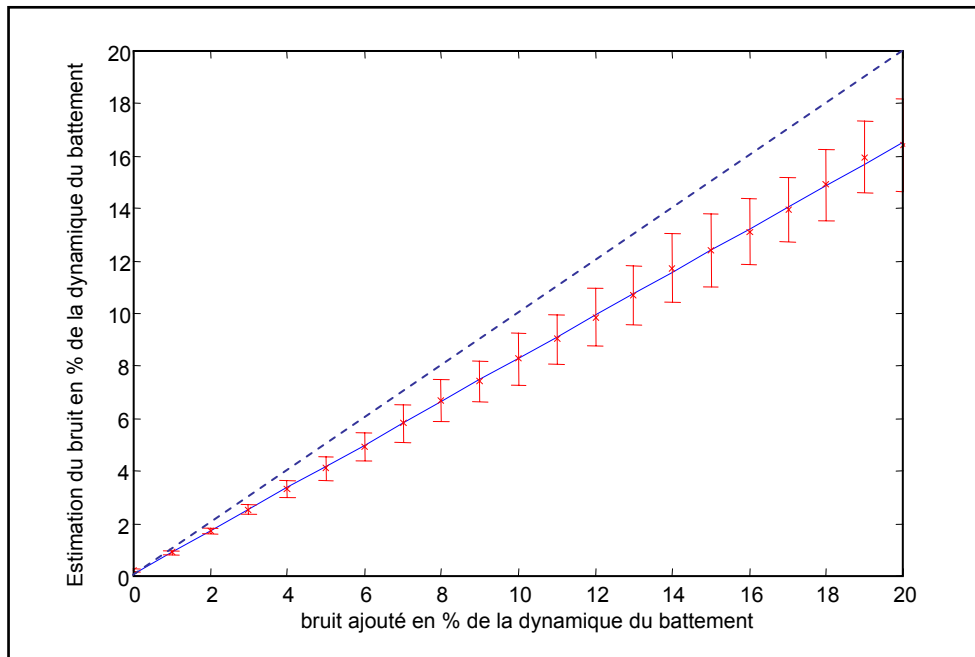


Figure 10 : Détection du bruit HF mesuré en fonction du bruit HF réellement ajouté à un signal sans bruit construit par simulation. Le calcul sous-estime légèrement le bruit réel : une correction numérique fondée sur ce graphique a été réalisée pour compenser ce biais.

Résumé :

Ce chapitre présente l'algorithme que nous avons développé avec J. Stephenson, au cours de son année de stage au laboratoire, consacré à l'extraction de la ligne de base du signal ECG.

Repérer la ligne de base (ligne isoélectrique du cœur) est un préalable essentiel à la suite du traitement automatique du signal ECG, pour différentes raisons :

- Il permet de ramener l'ECG sur une ligne horizontale correspondant au « zéro » pour permettre une comparaison simple des amplitudes des ondes d'un battement à l'autre. Nous verrons toute l'importance de cette correction dans la suite du présent mémoire, notamment lors de la modélisation en bosses du battement cardiaque (chapitre 6).

- Il permet également l'estimation des bruit HF et BF sur chacune des pistes et pour chaque battement. Ces valeurs sont nécessaires à la sélection des voies pertinentes lors du bilan de détection des ondes R, et plus généralement, à toute la suite de l'analyse.

À ce niveau de l'analyse, grâce à la segmentation du signal effectuée précédemment, nous travaillons battement par battement. Pour chacun d'eux, nous disposons du niveau des bruits à haute et basse fréquences de chacune des pistes, du rythme RR moyen, des intervalles RR précédent et suivant, etc.

Les niveaux de bruits sont particulièrement importants, car ils indiquent, pour chaque battement, quelles sont les voies de l'ECG qui ne sont pas trop bruitées et qui peuvent ainsi participer à l'analyse : en effet, supprimer les voies trop bruitées est essentiel pour obtenir une bonne robustesse du système, et, ainsi, une détection correcte des ondes caractéristiques.

Cette souplesse implique cependant que l'analyse se fera tantôt sur une voie, tantôt sur deux, tantôt sur trois voies suivant la qualité des battements ; et le nombre de paramètres disponibles pour l'analyse variera donc en conséquence.

L'approche proposée consiste à analyser le signal sur une *voie unique* qui synthétise l'information disponible des 1, 2 ou 3 voies ; nous détaillons ici la transformation utilisée pour construire cette voie unique.

I Objectifs

Pour réduire l'enregistrement à une seule voie, la méthode la plus simple consisterait à utiliser pour chaque battement la voie *la moins bruitée*. L'inconvénient majeur de ce type de sélection est la perte totale de l'information contenue sur les autres pistes ; or, des battements anormaux apparaissent parfois identiques aux battements normaux sur une voie, alors qu'une deuxième voie permet de les différencier clairement (Figure 1).



Figure 1: La distinction entre les battements normaux et les battements ventriculaires (ESV) est parfois difficile sur une unique piste. Dans cet exemple, une sélection simple de la voie la moins bruitée pour l'analyse aurait privilégié la voie A ; or le repérage de l'ESV sur cette piste est difficile car sa forme est très proche de celle des battements normaux. L'information de la piste B est donc ici très utile.

L'approche proposée consiste donc à créer une *voie virtuelle* comme *combinaison linéaire des voies disponibles* –c'est-à-dire les voies qui ne sont pas trop bruitées ; ainsi l'information de toutes les voies sera prise en considération. Pour être pertinentes, les pondérations de cette combinaison linéaire doivent être judicieusement choisies ; c'est ce que nous décrivons dans la suite.

Pour un battement donné, un autre choix d'une bonne voie d'enregistrement consisterait à privilégier celle sur laquelle le battement présente *la plus grande dynamique*. C'est sur ce critère que nous allons fonder le calcul, battement par battement, des coefficients de la combinaison linéaire pour construire la voie virtuelle (cf. chapitre 1.II.4.2 Le vectocardiogramme).

Le vectocardiogramme, tel que présenté au chapitre 1, représente le battement cardiaque projeté dans une base liée aux électrodes. On peut en déduire *l'axe électrique* du cœur qui est un indicateur de la direction générale que prend l'onde électrique lorsqu'elle se propage dans les ventricules. La voie de plus grande dynamique est celle sur laquelle la projection de cet axe est la plus grande, autrement dit, c'est celle qui est parallèle au *grand axe de la boucle représentative du battement* dans le vectocardiogramme : cet axe est dit *axe principal* ; il peut être complété par deux autres axes qui lui sont perpendiculaires et perpendiculaires entre eux.

Cette *base principale* est calculée pour chaque battement par une analyse en composantes principales (ACP) (Figure 2).

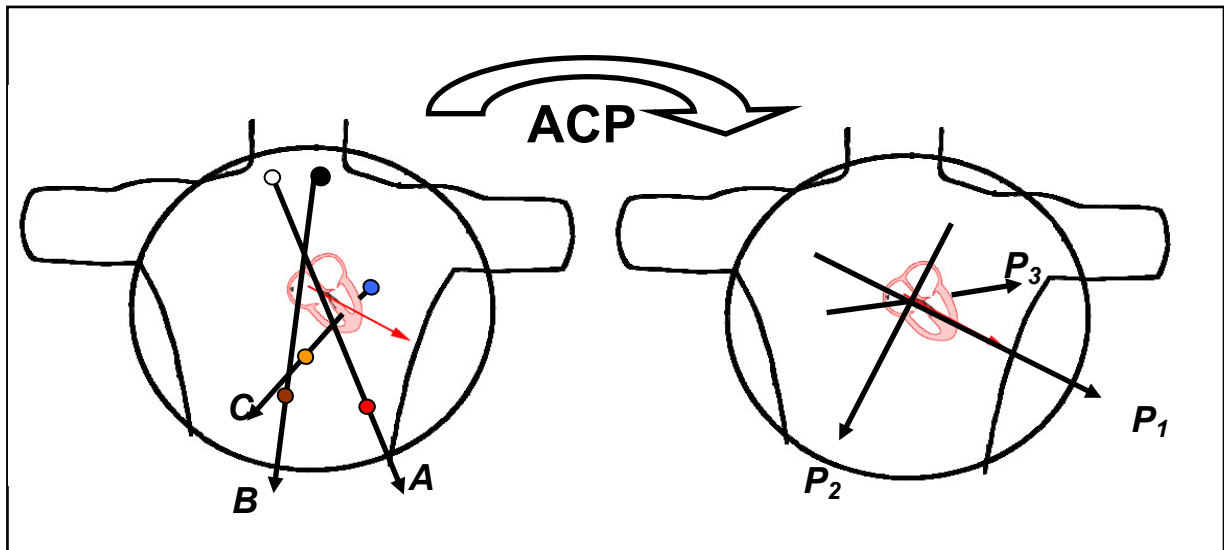


Figure 2: L'enregistrement cardiaque est en général effectué sur 3 voies (A, B, C) liées au corps ; pour chaque battement cardiaque, on calcule les axes du vectocardiogramme associé en utilisant une analyse en composantes principales, et l'on construit ainsi les voies P1, P2 et P3 liées à l'axe électrique du coeur. La voie P1 est particulièrement intéressante car c'est la voie virtuelle qui présente la plus grande dynamique.

II Principe de l'analyse en composantes principales

On détaille dans ce paragraphe le principe de calcul de la voie principale par l'analyse en composantes principales (ACP). L'ACP est une méthode classique utilisée pour la réduction de dimension : elle permet d'extraire de données d'un nuage de point multidimensionnel les directions importantes.

Soient S_1 , S_2 et S_3 les trois signaux sur les voies respectives A, B et C représentant un battement cardiaque ; chaque signal est constitué de N_p points. Le vectocardiogramme associé est ainsi constitué de ces mêmes N_p points représentés dans la base des électrodes (A, B, C), les coordonnées du i -ième point étant $(S_1(i), S_2(i), S_3(i))$ (cf. chapitre 1.II.4.1 Le vectocardiogramme).

Pour l'analyse en composantes principales on fait l'approximation que ces N_p points forment un ellipsoïde à trois dimensions ce qui permet de calculer [Escofier, 1990], [Foucart, 1984]:

- les axes de cet ellipsoïde qui forment la *base ACP*,
- la longueur de chacun d'eux.

Ces deux valeurs sont particulièrement intéressantes car elles permettent d'une part d'identifier la direction principale de l'ellipsoïde (donc la direction d'étalement du vectocardiogramme) et de quantifier sa taille et son volume d'autre part.

On cherche donc ici les coordonnées de ces N_p points dans la base ACP ($\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{P}_3$) ; ce qui nécessite le calcul de la *matrice de passage* de la base ($\mathbf{A}, \mathbf{B}, \mathbf{C}$) à la base ($\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{P}_3$).

II.1 Matrice de passage et matrice de covariance

La matrice de passage s'obtient par diagonalisation de la matrice de covariance \mathbf{C} associée aux N_p points [Escofier, 1990]. En effet, calculer la matrice de covariance revient à faire l'approximation que les N_p points font partie d'un ellipsoïde à trois dimensions (Figure 3) ; en diagonalisant cette matrice, on obtient :

- les axes de cet ellipsoïde portés par les vecteurs propres de \mathbf{C} ,
- la longueur de chacun d'eux indiquée par la valeur propre correspondante.

Ainsi, le vecteur propre correspondant à la plus grande valeur propre donne la direction de plus grande dispersion du nuage de points.

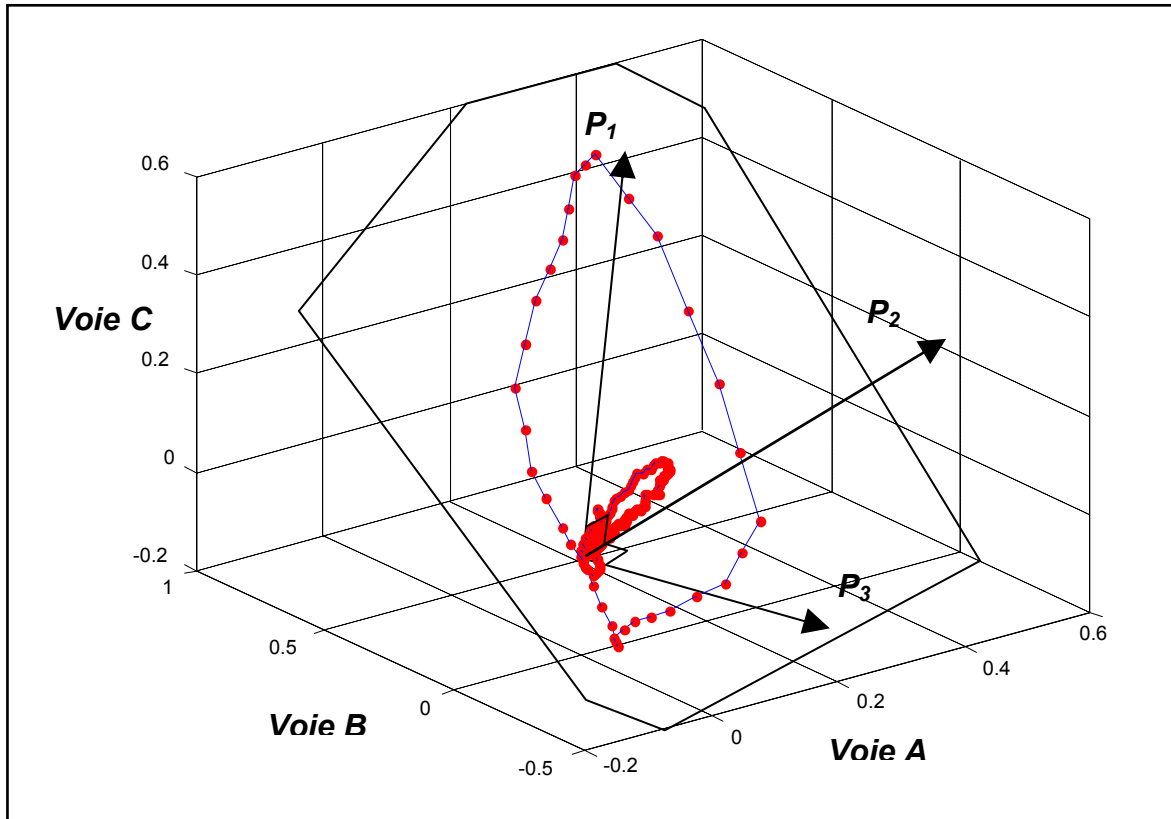


Figure 3: La boucle représentée ici est la trace temporelle du vecteur cardiaque pendant le battement dans le repère formé des électrodes (A, B, C): c'est un vectocardiogramme (chapitre 1.II.4.2). L'analyse en composantes principales nous permet de trouver (1) la direction P_1 de plus grand étalement de cette boucle, qui est un indicateur de la direction de l'axe électrique cardiaque pour ce battement, et (2) le plan principal du battement dont P_1 et P_2 sont directeurs.

Le terme général de la matrice de covariance \mathbf{C} s'écrit :

$$c_{ij} = \sum_{k=1}^{N_p} (S_i(k) - \overline{S_i})(S_j(k) - \overline{S_j}) \quad \text{Eq. 1}$$

où $\overline{S_i}$ est la moyenne du signal S_i ; dans le cas d'un enregistrement à trois voies, cette matrice est une matrice 3x3.

II.2 Valeurs propres

On calcule maintenant les valeurs propres $\{\lambda_i\}_{i=[1..3]}$ et les vecteurs propres associés de la matrice \mathbf{C} .

Les méthodes numériques permettant d'effectuer ce calcul sont nombreuses dans la littérature [Press, 1992], [Korn, 1961] ; une méthode robuste est fondée sur l'utilisation de l'algorithme de décomposition en valeurs singulières (ou SVD pour « Singular Value Decomposition ») [Press, 1992] ; c'est celle que nous utilisons ici.

On recherche la matrice \mathbf{D} telle que :

$$\mathbf{D} = \mathbf{P}^{-1} \cdot \mathbf{C} \cdot \mathbf{P} \quad \text{Eq. 2}$$

où \mathbf{D} est la matrice diagonale des *valeurs propres* $\mathbf{D} = \begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_2 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_3 \end{bmatrix}$, et \mathbf{P} la matrice de

passage de la base $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{P}_3)$ à la base $(\mathbf{A}, \mathbf{B}, \mathbf{C})$ constituée des *vecteurs propres* de \mathbf{C} ;

ainsi l'inverse de \mathbf{P} s'écrit $\mathbf{P}^{-1} = \begin{bmatrix} \mathbf{P}_1 & \mathbf{P}_2 & \mathbf{P}_3 \end{bmatrix}$, où \mathbf{P}_i est le vecteur colonne i de la base ACP

(c'est-à-dire le vecteur propre associé à la valeur propre λ_i) exprimé dans la base $(\mathbf{A}, \mathbf{B}, \mathbf{C})$.

En ayant pris soin de classer les $\{\lambda_i\}_{i=[1..3]}$ par ordre décroissant, le vecteur \mathbf{P}_1 représente la direction de plus grand étalement du nuage, \mathbf{P}_2 la deuxième et \mathbf{P}_3 la plus faible.

Le signal $(\mathbf{S}_1^{ACP}, \mathbf{S}_2^{ACP}, \mathbf{S}_3^{ACP})$ dans cette nouvelle base $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{P}_3)$ s'écrit donc :

$$[\mathbf{S}_1^{ACP}, \mathbf{S}_2^{ACP}, \mathbf{S}_3^{ACP}] = \mathbf{P}^{-1} \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{S}_1 \\ \mathbf{S}_2 \\ \mathbf{S}_3 \end{bmatrix} \quad \text{Eq. 3}$$

II.3 Voie principale S_1^{ACP}

Pour chaque battement de l'enregistrement, on effectue un calcul de l'axe principal pour définir les coefficients de la combinaison linéaire et construire le signal S_1^{ACP} à partir des voies disponibles. S_1^{ACP} est la voie qui possède la plus grande dynamique (Figure 4).

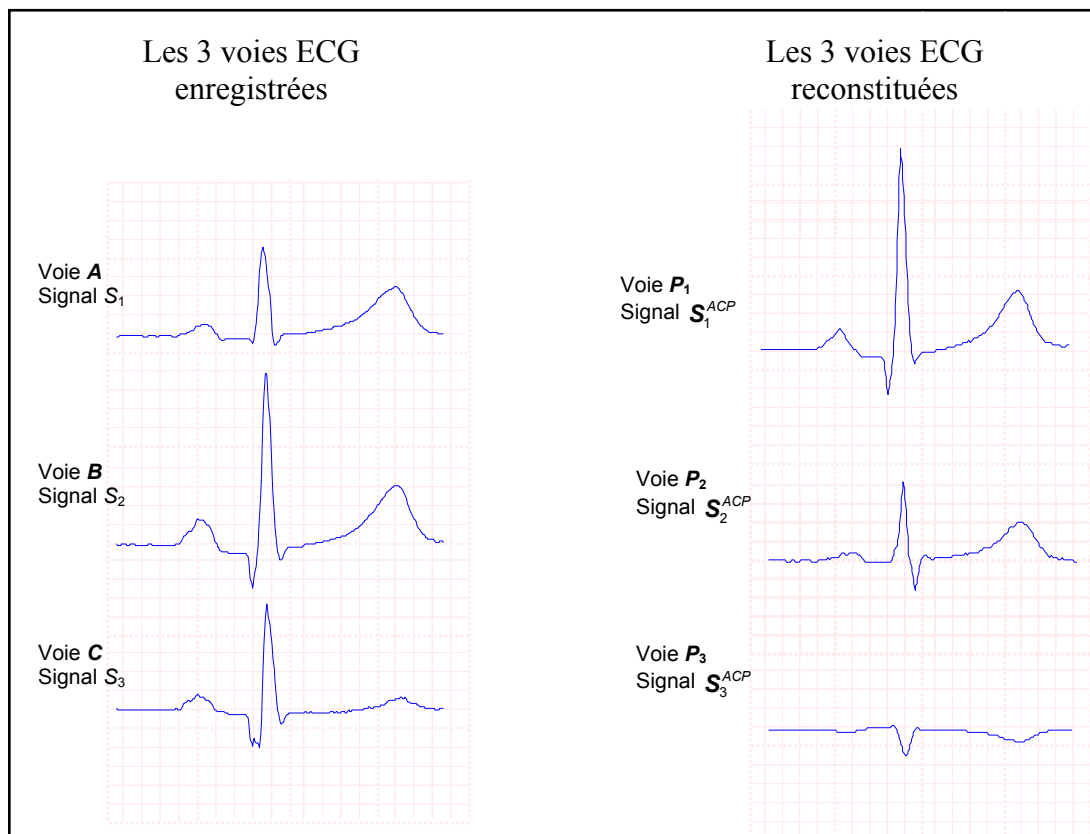


Figure 4: Le même battement exprimé dans la base d'enregistrement et dans sa base ACP. La première voie ACP est celle qui possède la plus grande dynamique.

III Avantage et limites de la méthode

III.1 Avantage

Les avantages de cette analyse en composantes principales apparaissent à différents niveaux : tout d'abord, comme nous l'avons dit précédemment, il est essentiel de travailler systématiquement sur *une* voie plutôt que sur un nombre variable de voies, car ainsi le

nombre de paramètres descriptifs d'un battement est fixé a priori, quel que soit le nombre de voies valides.

Cette voie possède aussi l'avantage d'être *fixe par rapport au cœur*. En effet, le cœur a un léger mouvement de rotation dans la cage thoracique pendant les phases d'inspiration et d'expiration, ce qui se traduit par un changement de projection du vecteur électrique dans la base (**A**, **B**, **C**) formée par les électrodes de mesure. Le repère ACP qui est lié à ce vecteur électrique « suit » donc ce léger mouvement, ce qui assure une projection constante du battement dans cette base. Nous reviendrons sur cette propriété au paragraphe V de ce même chapitre, qui est consacré l'extraction du rythme respiratoire à partir des mouvements de l'axe cardiaque.

III.2 Limites de la méthode

Malgré ses avantages, l'application de cette méthode engendre un certain nombre de difficultés ; son utilisation nécessite donc certaines précautions.

III.2.1 Approximation du repère orthonormé

Pour rechercher l'axe principal de l'ellipsoïde, nous avons supposé que la base (**A**, **B**, **C**) formée par les couples d'électrodes était orthonormale ; or cette propriété n'est pas vérifiée dans la pratique. En effet, l'emplacement conseillé des électrodes (Figure 2) fait que l'approximation d'orthogonalité est vérifiée entre les pistes (**A**, **C**) et (**B**, **C**), mais généralement pas entre les voies **A** et **B**. De plus, le gain peut varier d'une piste à l'autre, en fonction, par exemple, des distances séparant les couples d'électrodes de chacune des pistes. Le repère n'est donc ni orthogonal ni normé, et l'ellipsoïde du vectocardiogramme est déformé en conséquence ; son axe principal ne correspond donc pas physiquement à l'axe cardiaque.

Cependant, ce que nous voulons, c'est obtenir pour deux battements proches l'un de l'autre deux projections quasi identiques sur la voie principale. Or l'ellipsoïde reste déformé de la même manière d'un battement à l'autre, et le calcul de la matrice de covariance est biaisé de manière identique pour tous les battements se ressemblant : cette approximation n'a donc pas

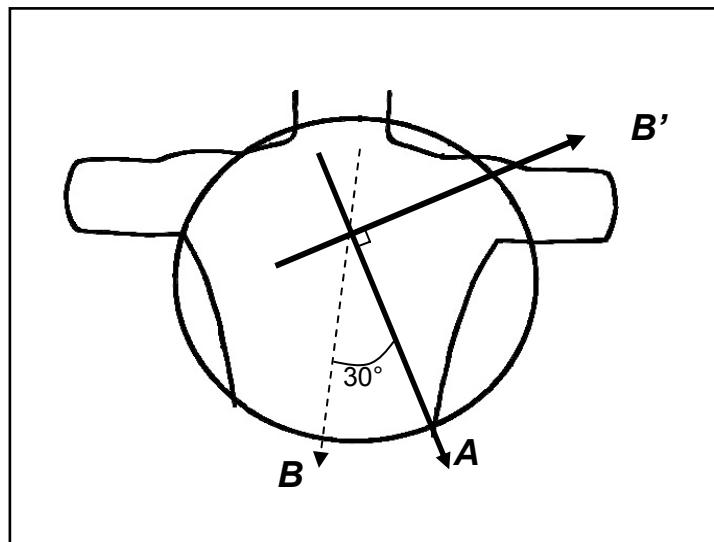
de conséquences sur la projection qui résulte de ce calcul. La seule réelle conséquence de la non-orthonormalité de la base d'origine est que l'on ne peut pas interpréter *l'axe principal* comme une représentation rigoureuse de *l'axe électrique* du cœur.

Cependant, afin de rapprocher au maximum ces deux axes, nous introduisons une correction empirique de la base (**A**, **B**, **C**) qui permet de commencer le calcul de l'axe principal à partir d'une base proche d'une base orthogonale directe: la voie **B** est remplacée par une voie **B'** qui rapproche ainsi le repère de l'hypothèse d'orthogonalité :

$$\mathbf{B}' = \sqrt{3} \mathbf{A} - 2 \mathbf{B}$$

Eq. 4

Cette correction est justifiée par l'emplacement des électrodes en enregistrement Holter : les voies A et B forment un écart angulaire d'environ 30 degrés (Figure 5).



*Figure 5 : Pour remédier au défaut d'orthogonalité du repère d'enregistrement (**A**, **B**, **C**) nous introduisons une correction fixe de ce repère pour le calcul de l'axe principal : la voie **B'** est construite à partir des voies **A** et **B**.*

III.2.2 Inversion du battement

L'analyse en composantes principales peut avoir une conséquence importante : elle peut engendrer, sur la voie principale, un battement « inversé » par rapport à l'original, c'est-à-dire dont les ondes normalement orientées vers le haut sont vers le bas et inversement.

En effet, comme nous l'avons vu ci-dessus, le calcul du vecteur propre associé à la plus grande valeur propre de la matrice de covariance fournit ses coordonnées dans la base des

électrodes de la voie principale. Or ce vecteur propre est en fait le vecteur qui engendre le sous-espace propre associé à la valeur propre correspondante ; ce vecteur peut donc indifféremment être choisi dans un sens ou dans l'autre et le battement reconstitué sur cette voie être projeté à l'endroit ou à l'envers.

On peut aussi comprendre ce phénomène en considérant l'ellipsoïde formé des points d'échantillonnages dans le repère des électrodes d'enregistrement, c'est-à-dire le vectocardiogramme (Figure 3) : le vecteur principal est le vecteur indiquant le plus grand axe du nuage. Cet axe n'est qu'une *direction*, et la notion de *sens* n'est pas définie pour l'ACP : ainsi, le vecteur principal a pour direction ce grand axe, et son sens est choisi arbitrairement.

La principale conséquence de cette ambiguïté de sens apparaît au niveau de l'analyse ultérieure des battements, qui devra être réalisée indifféremment sur des battements avec des ondes R positives et des ondes R négatives.

III.2.3 Projection identique

De même qu'un battement anormal pouvait avoir la même forme qu'un battement normal sur une voie d'enregistrement (Figure 2), un battement anormal peut avoir une forme identique à celle d'un battement normal sur sa voie principale, alors que leurs projections sont très différentes sur les voies d'enregistrement. Autrement dit, deux battements très différents sur les voies d'enregistrements pourront parfois paraître identiques sur la voie principale.

Prenons l'exemple d'une extrasystole ventriculaire (ESV) (Figure 6). L'onde électrique issue du foyer ectopique ventriculaire engendre un axe électrique habituellement très différent de celui observé lors de battements normaux ; la forme de l'ESV projetée sur les voies classiques d'enregistrements (**A**, **B**, **C**) apparaît alors très différente de celle des battements normaux, et cette forme est un critère de distinction. Or, notre nouveau repère étant lié à l'axe principal, il est possible d'observer une projection sur cet axe quasi-identique pour une ESV et pour un battement normal, la différence n'intervenant qu'au niveau de *la direction* de l'axe principal¹.

¹ Ceci est particulièrement vrai lorsque le battement normal est élargi par un bloc de branche.

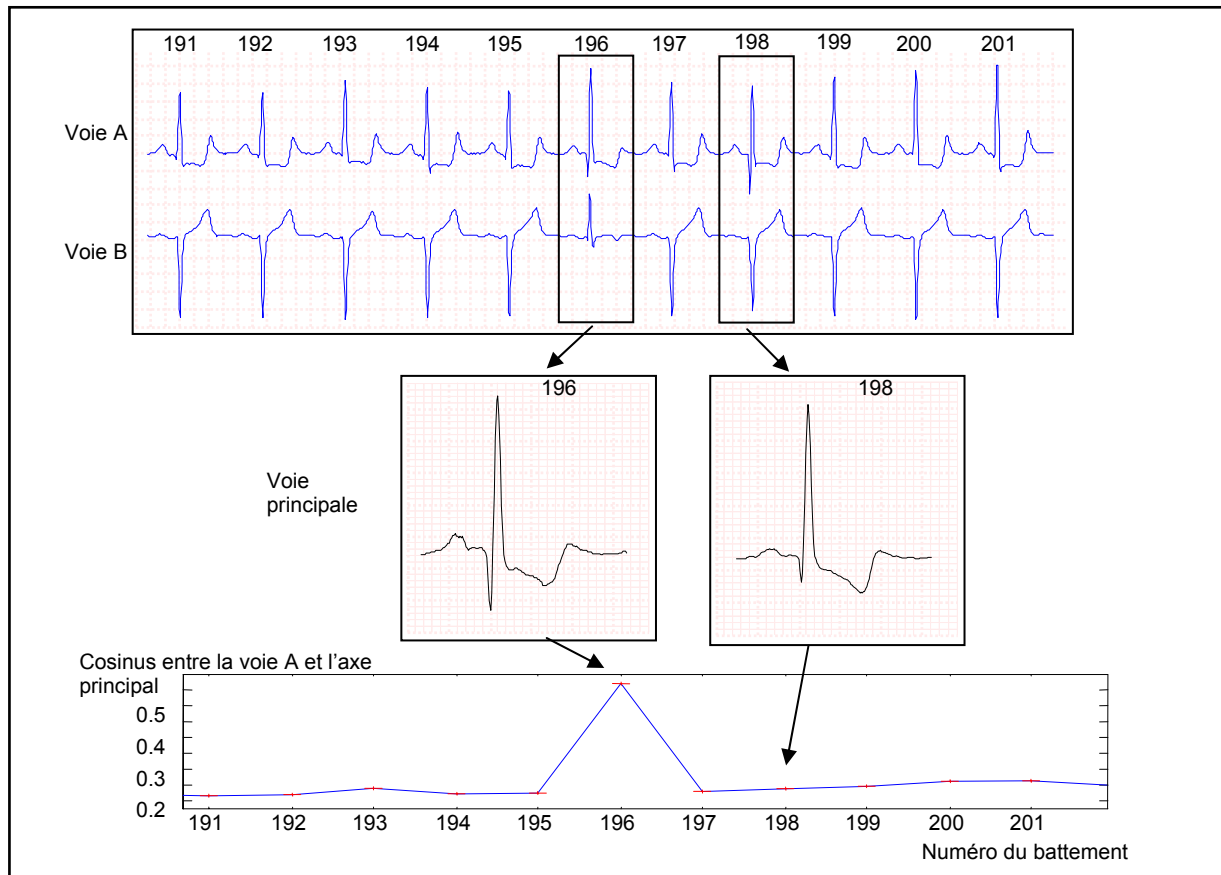


Figure 6 : La forme du battement n°196 apparaît, sur la voie principale, très proche de celle d'un battement normal (n°198 par exemple) bien que leurs formes sur les voies d'enregistrement (A, B) soient très différentes. La valeur de l'angle entre l'axe principal et un axe fixe (ici l'axe portant la voie A) constitue un bon facteur discriminant entre ces battements).

Cette remarque impose donc de considérer, dans l'analyse qui discriminera ce type de battement des battements normaux, un descripteur qui tiendra compte de la direction de l'axe principal : ainsi, différents axes électriques devront correspondre à des battements étiquetés différemment, la difficulté étant la quantification de la notion de « différence ».

Une telle classification est décrite en détail au chapitre suivant (cf. chapitre 7 Mise en familles).

III.3 Résultat de l'analyse en composantes principales

III.3.1 Analyse 1 voie

L'analyse sur une voie se produit seulement lorsque que la ou les autres pistes sont trop bruitées, ou plus rarement lorsque le cardiologue n'a posé qu'une seule paire d'électrodes au patient. Dans ce cas, l'analyse en composantes principales n'a aucun sens : la voie principale est en fait la seule disponible.

III.3.2 Analyse 2 voies

L'ACP sur 2 voies est beaucoup plus fréquente : elle a lieu lorsque l'enregistrement a été effectué sur 2 voies ou lorsque l'une des trois voies est trop bruitée.

Un exemple de variation du cosinus de l'angle entre l'axe principal et l'axe porté par la voie A est présenté sur la Figure 7, pour 1200 battements successifs, et plusieurs zones intéressantes sont étudiées en détail sur les figures suivantes. Chacune des croix est un battement cardiaque fournissant une valeur du cosinus de l'angle ; en dehors de quelques fortes variations, la variation observée sur les battements normaux est quasiment périodique de période 3-4 secondes : une explication de cette observation est proposée au paragraphe V.

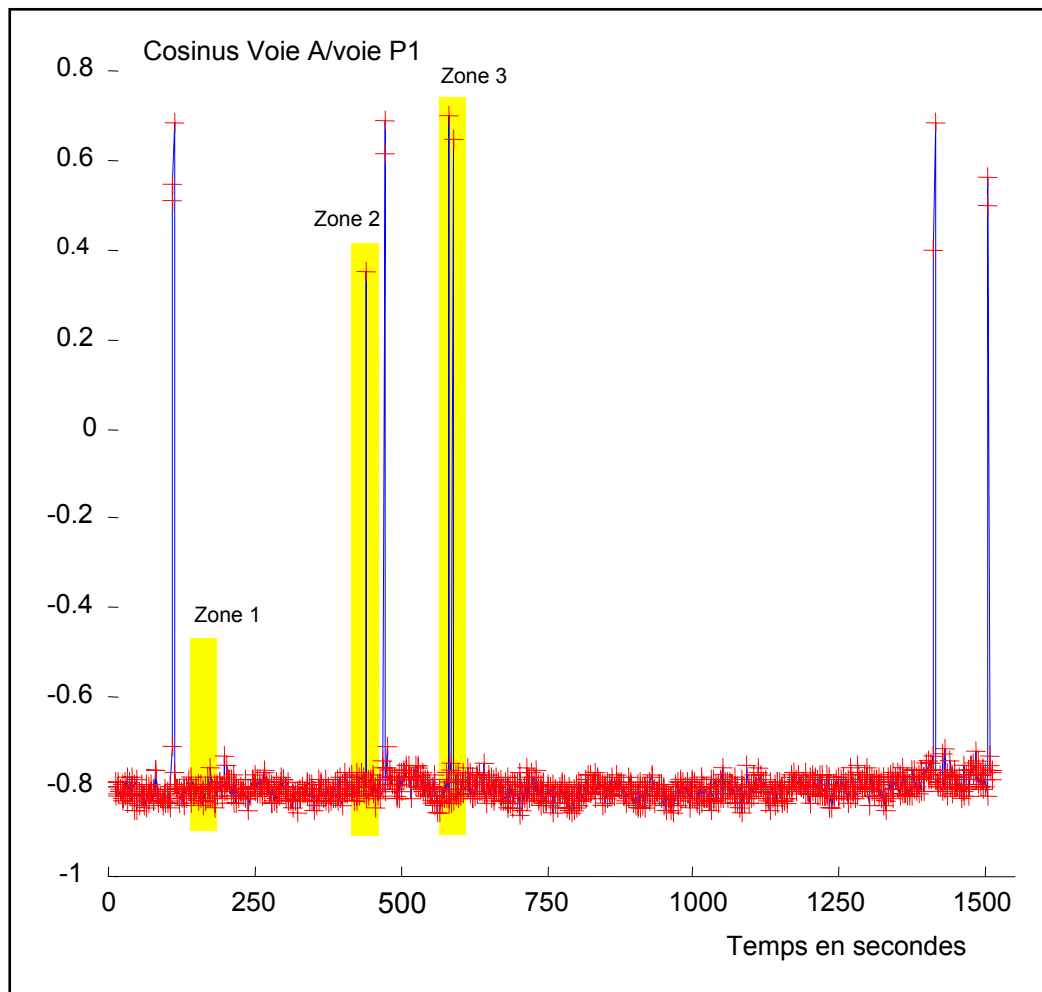


Figure 7 : cosinus de l'angle entre la voie A et la voie ACP P1 pour 1200 battements représentés par des croix. A l'exception de quelques angles, ils sont tous compris entre 138 et 145 degrés (ce qui correspond à un cosinus compris entre -0,75 et -0,82). Les zones 1, 2 et 3 sont détaillées dans la suite Figures 8, 9 et 10.

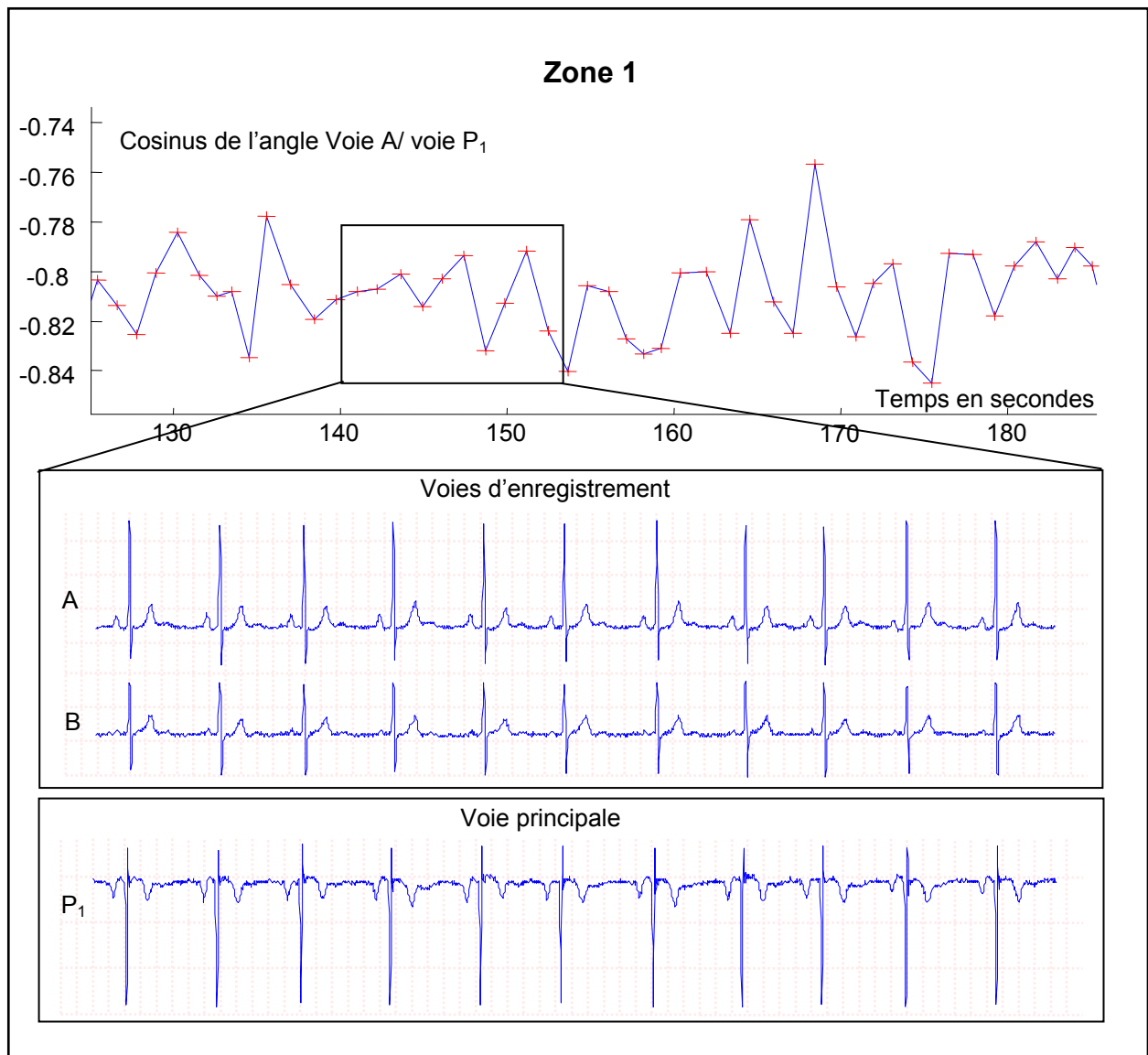


Figure 8 : Le mouvement du cœur apparaît périodique de période 3-4 secondes – ce qui correspond vraisemblablement au cycle respiratoire. La voie principale P₁ est ici « inversée » : les ondes P, R et T, habituellement dirigées vers le haut pour les battements normaux, sont ici dirigées vers le bas.

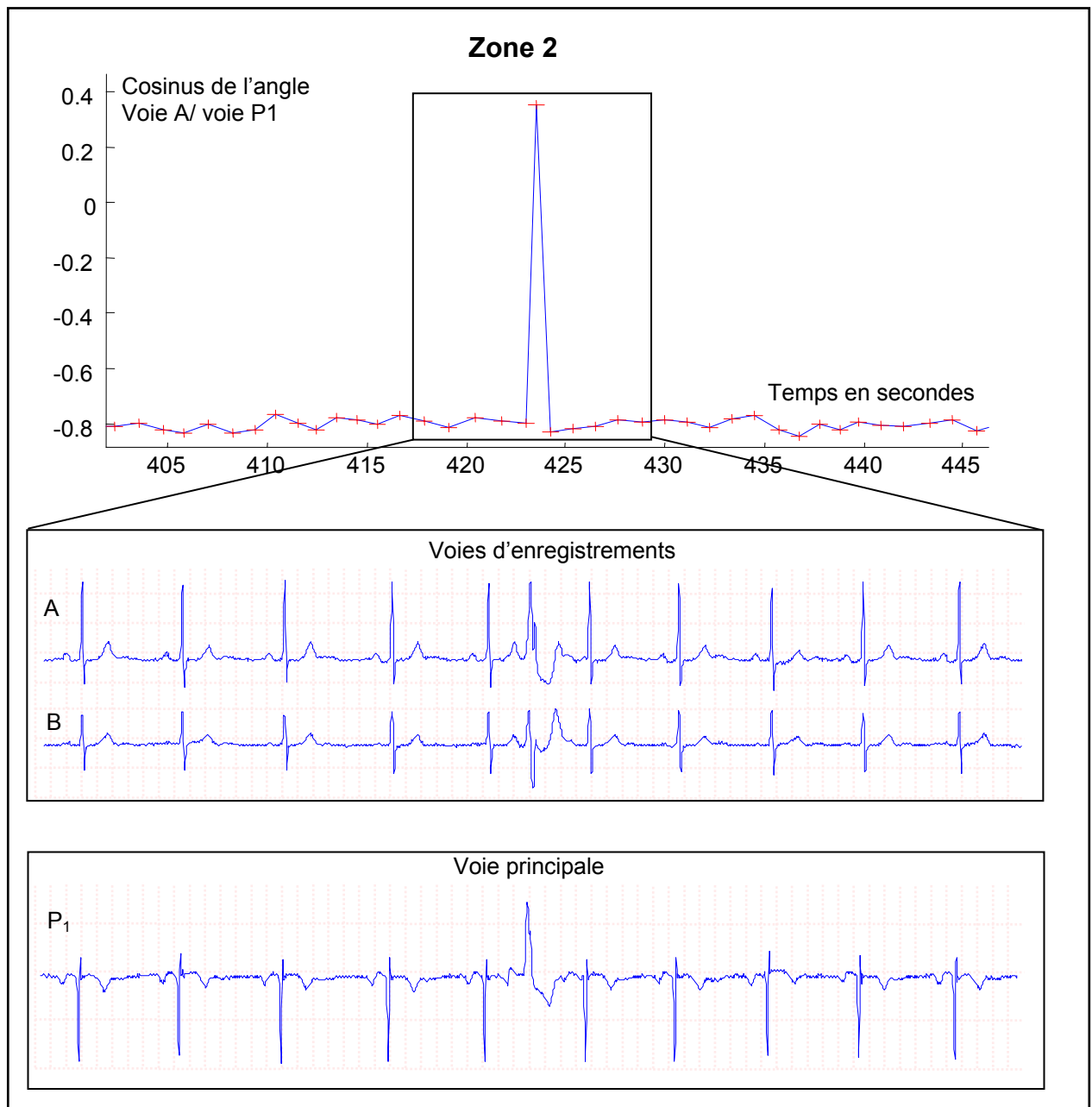


Figure 9 : Dans cette zone, un battement présente un axe très différent des autres : il s'agit ici d'une extrasystole ventriculaire.

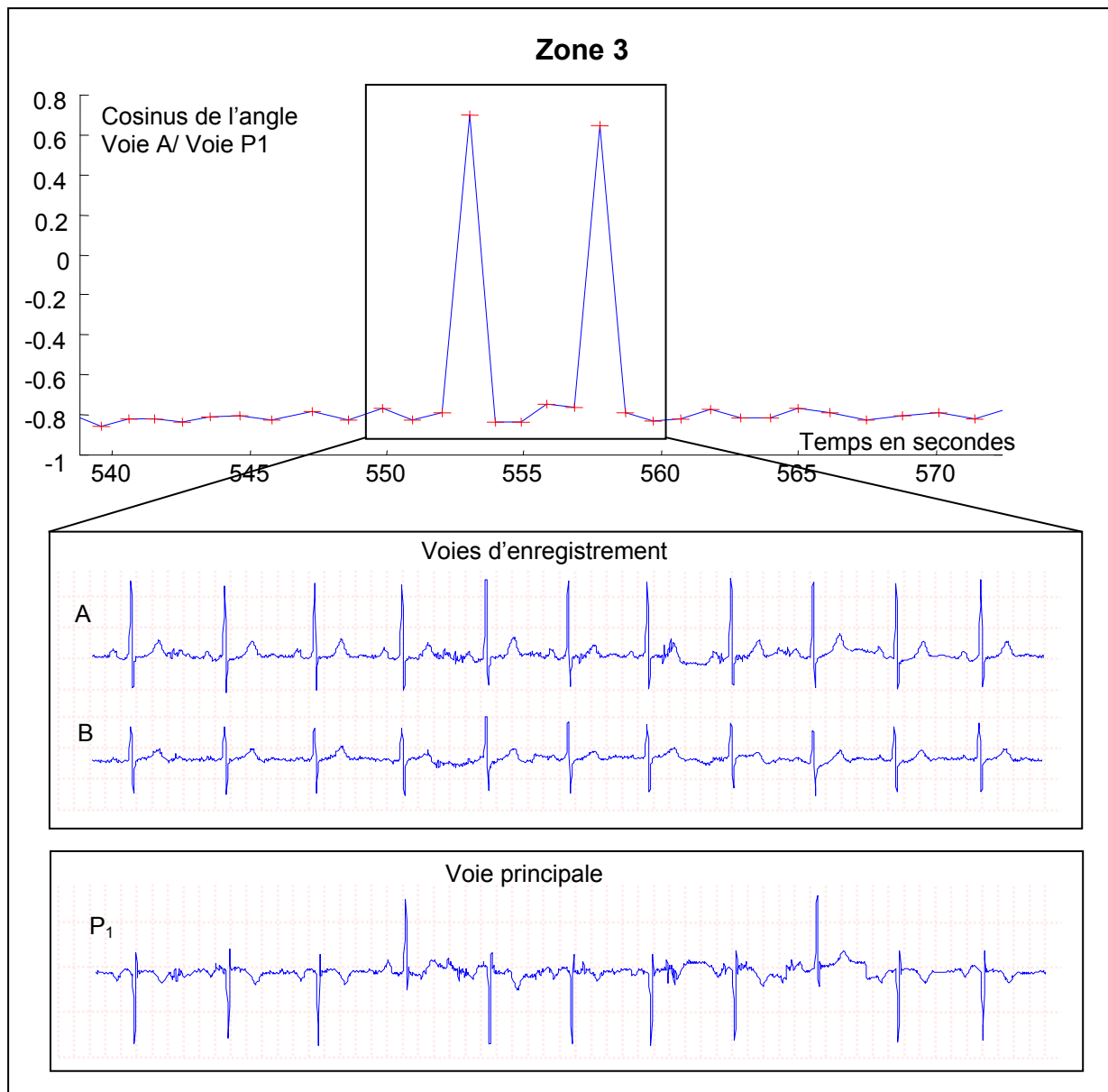


Figure 10 : Dans cette zone, on trouve également deux battements d'axes apparemment très distincts. En y regardant de plus près, les vecteurs principaux de ces deux battements forment un angle pratiquement égal à π avec le vecteur principal des battements normaux : c'est en fait une conséquence de la difficulté à orienter ces vecteurs.

L'exemple présenté ici illustre bien les cas typiques rencontrés lors de fortes variations de l'angle entre une voie d'enregistrement et l'axe principal de chaque battement. Le plus souvent, une variation de grande amplitude correspond à un battement atypique, comme une ESV (Figure 9). Néanmoins, on voit sur la Figure 10 que ce critère est insuffisant pour étiqueter ainsi un battement : il convient de tenir compte de la *forme* du battement, indépendamment du sens positif ou négatif de sa projection sur l'axe principal.

III.3.3 Analyse 3 voies

Pour repérer le vecteur électrique en trois dimensions, on utilise ses coordonnées sphériques ; le vecteur étant de norme 1, seules les valeurs des deux angles (θ et φ) sont intéressantes.

La Figure 11 représente dans le plan (θ et φ) la direction de 1200 battements successifs. On distingue nettement deux groupes de points, l'un correspondant aux battements normaux, l'autre aux extrasystoles. Un point est isolé des deux groupes : il correspond à un battement dont l'axe électrique est différent des autres. Lui attribuer une étiquette « normale » ou une étiquette « pathologique » relève de la discussion d'experts : il est donc nécessaire que nous le séparions des autres (cf. chapitre 6 Mise en familles).

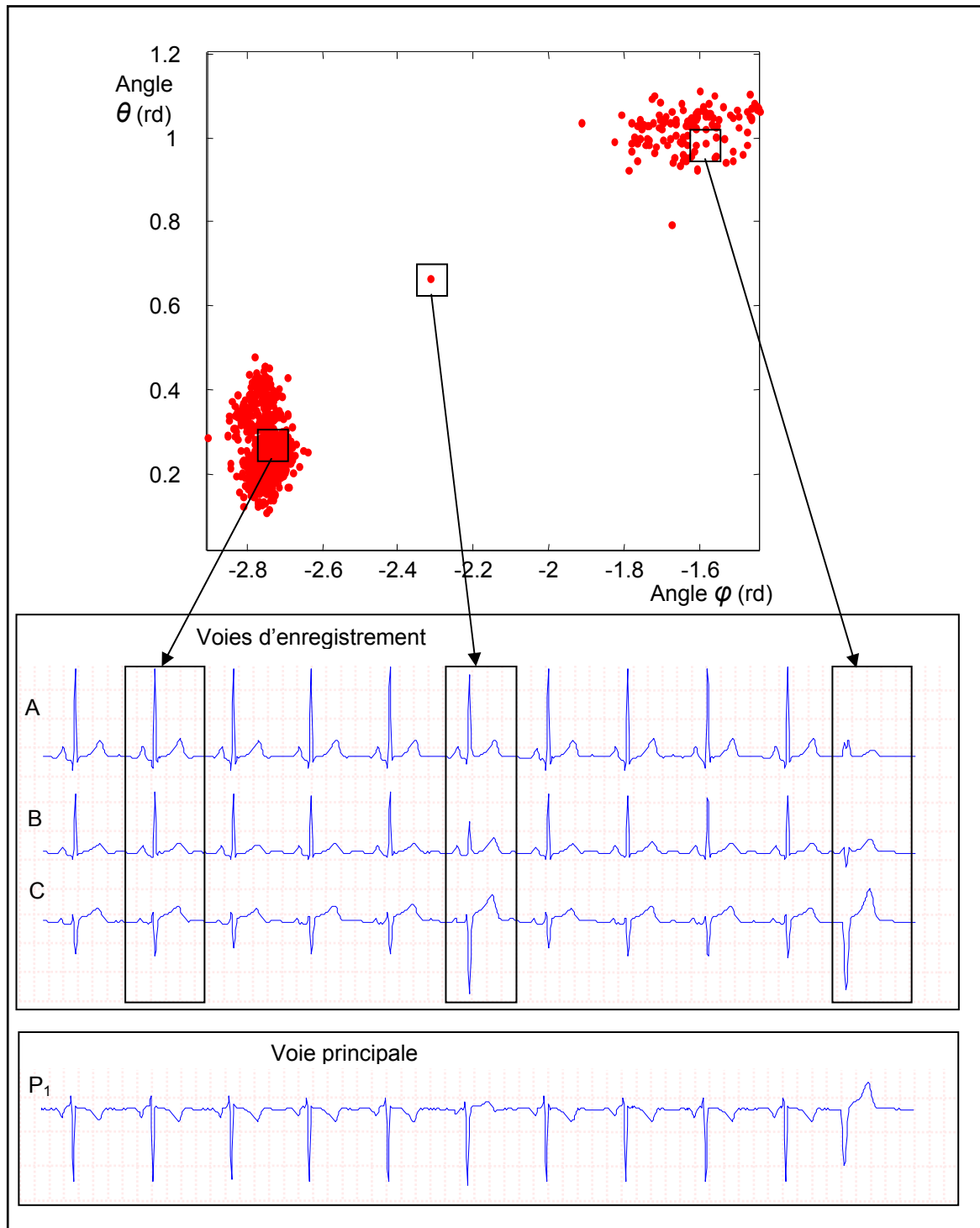


Figure 11 : Sur trois voies, l'axe principal est repéré par ses coordonnées sphériques (les angles θ et φ). Deux zones se distinguent nettement : l'une première correspondant aux battements normaux, et une autre correspondant aux ESV ; un troisième battement isolé possède un axe différent des deux groupes précédents, sa forme sur les voies (A, B, C) apparaît en effet particulière.

IV La respiration

Pour expliquer le mouvement périodique de période 3-4 secondes de l'axe principal du cœur, nous avons supposé qu'il effectuait un mouvement de rotation dû au gonflement et dégonflement des poumons pendant les phases d'inspiration et expiration de la respiration. Pour vérifier cette hypothèse deux étudiants de l'ESPCI, T. D'Orgeval et B. Lombardot, ont travaillé successivement sur le sujet. Les résultats de leurs travaux sont détaillés dans leurs rapports disponibles au laboratoire [D'Orgeval, 2002] [Lombardot, 2002], nous en présentons ici les grandes lignes.

IV.1 Expériences

Pour vérifier l'hypothèse de corrélation de la rotation du cœur avec la respiration, nous avons couplé l'enregistreur cardiaque à un capteur nasal de pression enregistrant le débit d'air inspiré et expiré au cours du temps.

L'enregistrement cardiaque sur 3 voies nous permet de calculer, par l'algorithme précédent, la direction principale du vecteur électrique pour chaque battement ; en supposant que cette direction est liée au cœur et est invariante pour les battements normaux, l'étude du mouvement de cet axe correspond au mouvement du cœur qui selon notre première hypothèse est fortement corrélé aux mouvements des poumons. Ainsi, selon cette hypothèse, chaque battement est un « point d'échantillonnage » de la courbe représentant le mouvement des poumons par rapport à un axe fixe, ici la voie A de l'enregistrement.

Le principal test a porté sur 7 types de respirations différentes (Figure 12) : respiration abdominale, respiration thoracique, apnées, ...

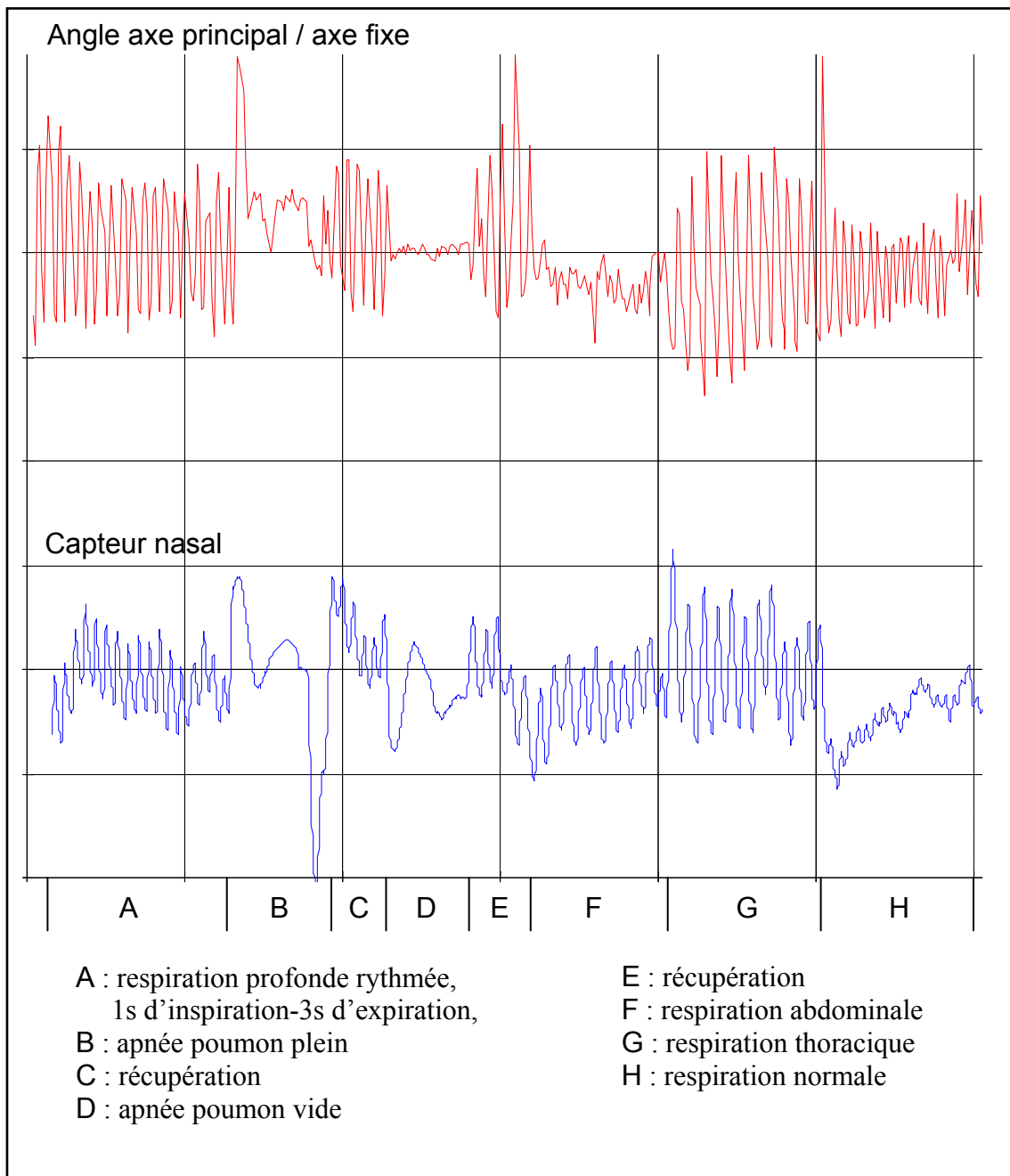


Figure 12 : Enregistrements simultanés d'un capteur nasal et d'un ECG sur 3 voies. Ici, on représente en parallèle l'angle que forme l'axe principal du cœur avec un axe fixe et le flux d'air issu du nez enregistré pendant lors de 7 types de respirations différentes.

IV.2 Résultats

On constate sur la figure que les deux courbes sont très corrélées, en particulier pour la respiration thoracique, ce qui confirme notre hypothèse de relation entre les cycles

respiratoires et le mouvement périodique de l'axe principal. Nous présentons succinctement ici une étude de ce mouvement.

IV.2.1 Axe privilégié de rotation

D'un battement cardiaque à l'autre, on peut suivre le mouvement effectué par la base principale du cœur. En première approximation, ce mouvement peut être ramené à une rotation : la base principale est $(\mathbf{P}_1^n, \mathbf{P}_2^n, \mathbf{P}_3^n)$ au battement n et $(\mathbf{P}_1^{n+1}, \mathbf{P}_2^{n+1}, \mathbf{P}_3^{n+1})$ au battement $n+1$; il existe une unique rotation qui permet le passage de l'une à l'autre, ses paramètres (axe $\Omega^{n/n+1}$, angle $\theta^{n/n+1}$) s'exprime par une matrice de rotation R définie par :

$$(\mathbf{P}_1^n, \mathbf{P}_2^n, \mathbf{P}_3^n) = R \cdot (\mathbf{P}_1^{n+1}, \mathbf{P}_2^{n+1}, \mathbf{P}_3^{n+1}) \quad \text{Eq. 5}$$

On représente Figure 13 les extrémités des vecteurs instantanés de rotation $\{\Delta^{n/n+1}\}_{n=[1,60]}$ pour les 120 premiers battements enregistrés pendant la respiration rythmée : 1 seconde d'inspiration, 3 secondes d'expiration.

On définit ces vecteurs par :

$$\Delta^{n/n+1} = |\theta^{n/n+1}| \cdot \Omega^{n/n+1}$$

où $\Omega^{n/n+1}$ est le vecteur directeur, normé, de l'axe de rotation entre le battement n et le battement $n+1$.

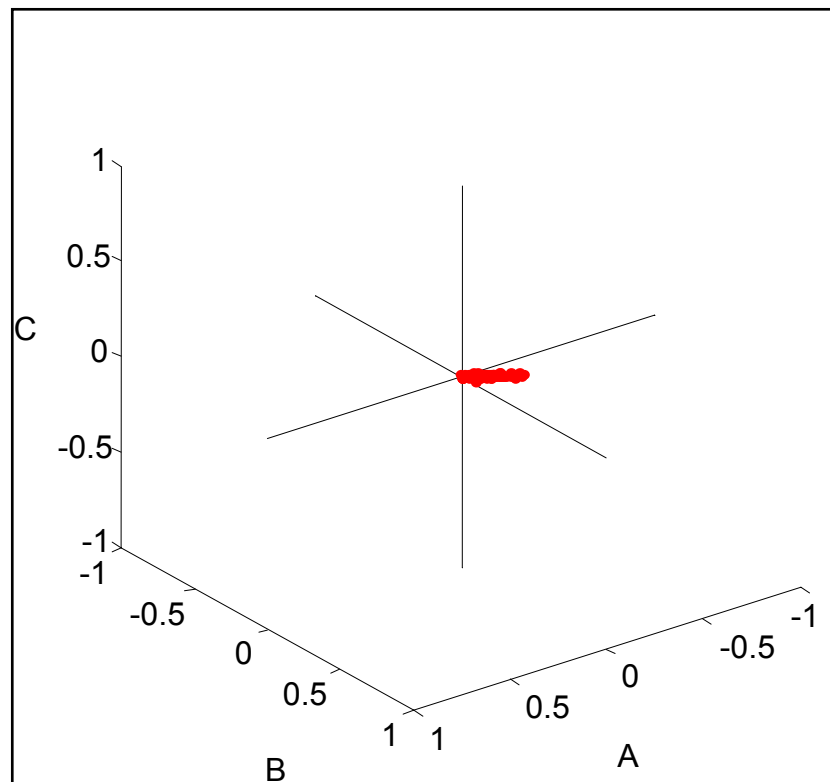


Figure 13 : Représentation des extrémités des vecteurs de rotation instantanée entre les battements successifs. La longueur de ces vecteurs est proportionnelle à la valeur absolue de l'angle de rotation; un axe de rotation privilégié se distingue nettement pour ces 120 battements.

On constate ici qu'il existe un axe privilégié de rotation du cœur. Une étude préliminaire [Lombardot, 2002] semble indiquer que cet axe de rotation est influencé par la position du corps ; suivre son évolution temporelle devrait donc permettre de suivre les changements de position du patient.

IV.2.2 Conclusion de l'analyse de la respiration

Le travail concernant l'extraction du signal respiratoire de l'enregistrement Holter est particulièrement intéressant pour permettre un examen respiratoire hors du contexte hospitalier, et diagnostiquer ainsi des pathologies répandues aux conséquences potentiellement sévères, comme l'apnée ou l'hypopnée du sommeil. Les études préliminaires présentées ici semblent indiquer que la recherche de l'axe électrique de chaque battement et l'étude de son mouvement au cours du temps sont des mesures pertinentes pour extraire le signal respiratoire de l'ECG, tandis que l'extraction d'un axe de rotation de la base principale cardiaque entre deux battements successifs semble prometteur comme indicateur du

mouvement du corps. Ces techniques pourront alors constituer des méthodes originales de mesure de la respiration et de la position.

Résumé :

En fonction du bruit des différentes pistes d'enregistrements de l'ECG ou du nombre de voies posées par le cardiologue, le nombre de pistes ECG disponibles à chaque instant pour faire l'analyse n'est pas constant ; par conséquent, le nombre de descripteurs d'un battement n'est pas prédéfini.

Pour remédier à cette difficulté, nous proposons ici une méthode de construction d'une *voie principale*, contenant un maximum d'informations, par combinaison linéaire des voies disponibles. Les coefficients de cette combinaison linéaire sont déterminés par une analyse en composantes principales (ACP).

Moyennant quelques précautions, cette voie principale peut, à elle seule, servir de support à l'analyse de chacun des battements de l'ECG, ce qui assure que le nombre de paramètres qui seront pris en considération pour l'analyse est fixe.

De plus, des études préliminaires semblent indiquer que le mouvement de *l'axe électrique* du cœur, mis en évidence par l'analyse en composantes principales, est fortement corrélé au cycle respiratoire et à la position du patient. Ces techniques pourront donc constituer des méthodes originales de mesure de la respiration et de la position.

La modélisation du battement cardiaque est une étape essentielle pour l'identification automatique des ondes caractéristiques. Elle a pour objectif de trouver une *représentation mathématique*, aussi simple et compacte que possible, de la forme de chaque onde constitutive du battement cardiaque. En effet, la représentation la plus « naturelle » des ondes consisterait à décrire le signal par son amplitude à chaque instant ; cette représentation serait donc un vecteur dans un espace dont la dimension serait égale à quelques centaines. Dans un tel espace, les étapes de traitement nécessaires à la reconnaissance des pathologies se heurteraient à des problèmes insurmontables.

L'approche proposée ici consiste à décomposer un battement en une somme de fonctions paramétrées qui permettent de localiser et de caractériser les ondes : la dimension de l'espace de représentation est alors égale au nombre de paramètres qui interviennent dans la décomposition. On peut fonder ce type de modélisation sur des algorithmes aussi divers que la décomposition en ondelettes, la régression polynomiale, l'approximation par réseaux de neurones, l'approximation par fonctions radiales de base (RBF),..., ce qui conduit chaque fois à une représentation analytique du battement considéré.

Après avoir défini précisément la principale propriété que nous attendons de la modélisation d'un battement, nous présentons brièvement quelques résultats obtenus par les méthodes classiques citées ci-dessus. Nous verrons ensuite en quoi ces méthodes ne constituent pas une modélisation satisfaisante selon nos critères, et nous présenterons enfin une décomposition entièrement originale, applicable à une grande variété de problèmes, et particulièrement bien adaptée à la modélisation des battements cardiaques.

I Objectif de la modélisation

I.1 Présentation

L'identification des ondes caractéristiques du battement est réalisable en deux étapes : la segmentation et l'étiquetage.

- La segmentation correspond au « découpage » du battement en zones susceptibles de contenir chacune une onde cardiaque ; il s'agit donc, à ce niveau, de repérer les formes qui ressemblent aux ondes cardiaques.
- L'étiquetage correspond à l'attribution d'un label médical (P, Q, R, S ou T) à chacune des zones définies lors de la segmentation. Les zones qui contiennent une onde cardiaque bien identifiée reçoivent le label médical correspondant, tandis que celles dont l'onde associée ne correspond pas à une onde cardiaque se voient attribuer l'étiquette X.

L'affectation d'un label médical à chaque forme de l'ECG est *indispensable* pour « *communiquer* » ensuite avec les cardiologues. En effet, les pathologies cardiaques sont classiquement exprimées sous forme d'anomalies des distances entre les ondes caractéristiques, ou en termes de problèmes dans la forme de ces ondes (cf. chapitres 1 et 2) : le fait de localiser précisément ces ondes permettra de fournir aux cardiologues des informations sur leurs formes et sur leurs distances mutuelles, et inversement de définir des seuils de « normalité » pour chacune des ondes.

La méthode d'étiquetage sera décrite en détail dans le chapitre suivant ; le présent chapitre est consacré à la segmentation.

Puisque l'étiquetage repose entièrement sur les résultats de la segmentation, celle-ci doit être réalisée avec beaucoup d'attention : plus la segmentation est pertinente, plus l'étiquetage est simple et robuste.

I.2 Objectif

La méthodologie est la suivante : chaque battement est décomposé en une somme pondérée de fonctions paramétrées appelées régresseurs. La modélisation d'un battement donné pose donc trois problèmes :

- le choix de la *famille de fonctions* à l'intérieur de laquelle seront choisis les régresseurs,
- la détermination du *nombre* de régresseurs nécessaires à la modélisation,
- l'estimation des valeurs des *paramètres* de ces régresseurs et de leur *pondération* dans la somme.

Idéalement, afin de faciliter l'étiquetage des ondes constitutives du battement, il serait souhaitable que chaque onde du battement soit modélisée de manière satisfaisante par *un régresseur et un seul* (ce qui élimine notamment le problème de l'estimation des pondérations). C'est pourquoi nous nous sommes attaché à trouver une famille de fonctions, que nous appellerons « fonctions bosses », pour lesquelles cette propriété est vérifiée pour la majorité des battements.

II Modélisation classique

Avant d'aborder cette décomposition « sur mesure » du battement cardiaque, nous allons présenter différentes modélisations qui cherchent les régresseurs dans des familles de fonctions conventionnelles.

La modélisation la plus couramment utilisée aujourd'hui dans les logiciels complets d'analyse de l'ECG est l'approximation du signal par une ligne brisée [Pavlidis, 1974], [Ray, 1992] et [Naken, 1993]. Les paramètres de ces lignes sont ensuite étudiés pour le repérage des QRS notamment [Koski, 1996]. Cette représentation est loin de notre objectif, nous ne nous étendrons donc pas plus sur ce type d'analyse.

II.1 Décomposition en ondelettes

La première décomposition proposée ici est une transformée en ondelettes. Ces méthodes sont abondamment décrites dans la littérature, dont on peut trouver des synthèses dans [Mallat, 2000] [Torrésani, 1995]. Il existe un grand nombre de types d'ondelettes telles que celles de Haar, de Morlet, de Daubechies, les « symlets » [Poularikas, 1996], etc. Le choix du type d'ondelettes dépend essentiellement des propriétés recherchées, par exemple l'orthogonalité de la base de décomposition, ou la continuité de la transformation.

Pour s'approcher de l'objectif fixé précédemment, nous proposons ici une décomposition en fonctions de type Coiflet (Mexican Hat) [Poularikas, 1996], fonctions qui ont une forme qui évoque celle des ondes cardiaques (Figure 1) ; de plus, ces fonctions constituent une base orthogonale, ce qui assure l'unicité de la décomposition.

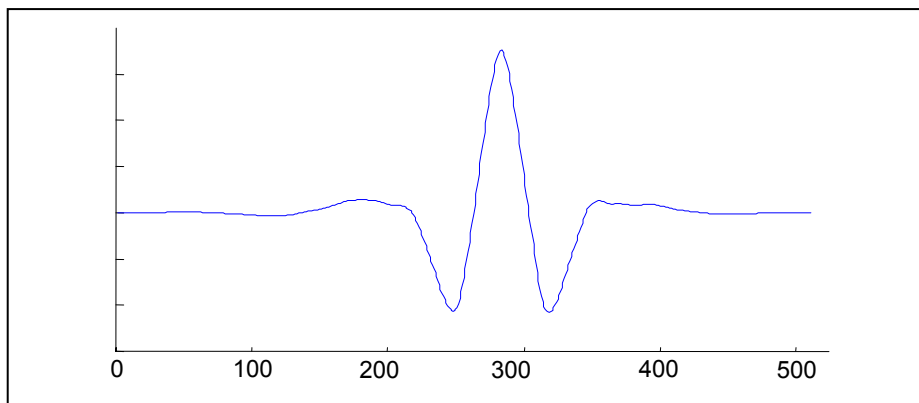


Figure 1: Représentation de l'ondelette mère Coiflet. La forme de cette fonction est proche de celle des ondes cardiaques à modéliser.

II.1.1 Principe de la décomposition

Nous présentons ici les grandes lignes de l'algorithme qui permet de passer d'un battement échantillonné, donc représenté par le vecteur constitué des amplitudes des points d'échantillonnages, à un battement représenté comme une somme pondérée de fonctions.

II.1.1.a Signal ECG

Le signal à décomposer est donc un battement cardiaque isolé ; la transformée en ondelettes discrète impose une contrainte : le nombre de points d'échantillonnage des signaux doit être une puissance entière de 2 ; or la durée des battements dépend du rythme cardiaque. Pour cette décomposition, le battement sera donc représenté par un vecteur de dimension égale à la puissance de 2 la plus proche, par valeur supérieure, du nombre de points d'échantillonnage du battement, en complétant par des zéros placés avant et après celui-ci.

Par exemple, considérons le signal S d'un battement à modéliser (Figure 2). Échantillonné à 500Hz, il est composé de 342 points. Le signal S_0 utilisé pour la décomposition est le vecteur composé du signal S précédé de 85 zéros et suivi de 84 zéros, ce qui porte la dimension de ce vecteur à 512, soit 2^9 .

S_0 est donc aussi un vecteur \mathbf{S}_0 de l'espace à 512 dimensions dont la i -ème coordonnée dans la base canonique est la valeur du signal au point i . Dans tout ce qui suit, les vecteurs de cet espace sont notés en caractères gras.

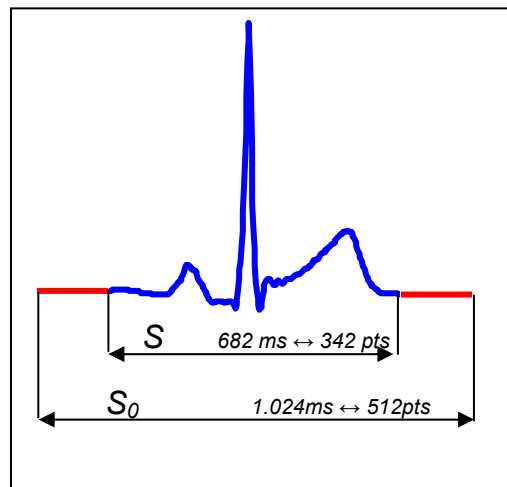


Figure 2 : La transformée en ondelettes orthogonales contraint de travailler avec un signal dont le nombre de points d'échantillonnage est une puissance entière de 2. Le signal S est donc complété de part et d'autre de 0 pour donner S_0 .

II.1.1.b Bibliothèque d'ondelettes

La première étape de la décomposition est la construction de la base d'ondelettes. Si S_0 est le signal à décomposer de longueur N_p (le nombre de points), la base est constituée de N_p

ondelettes orthogonales¹, qui sont toutes déduites de l'ondelette « mère » par translations et dilatations.

Soit φ l'ondelette mère ; la base se construit de la manière suivante :

$$B = \{ \varphi(2^m x \pm n), n \in [1..2^{m-1}], m \in [1..\log_2(N_p)] \} \quad \text{Eq.1}$$

où m et n sont respectivement le *coefficient de dilatation* et de *position* de chacune des ondelettes, et N_p la longueur du signal à modéliser. Les N_p-1 fonctions de la base sont notées $\{\varphi_i\}_{i=[1..N_p-1]}$ dans la suite.

Une telle bibliothèque est présentée sur la Figure 3 ; les ondelettes (ici des Coiflets) qui ont une même dilatation (m constant) sont représentées sur une même ligne.

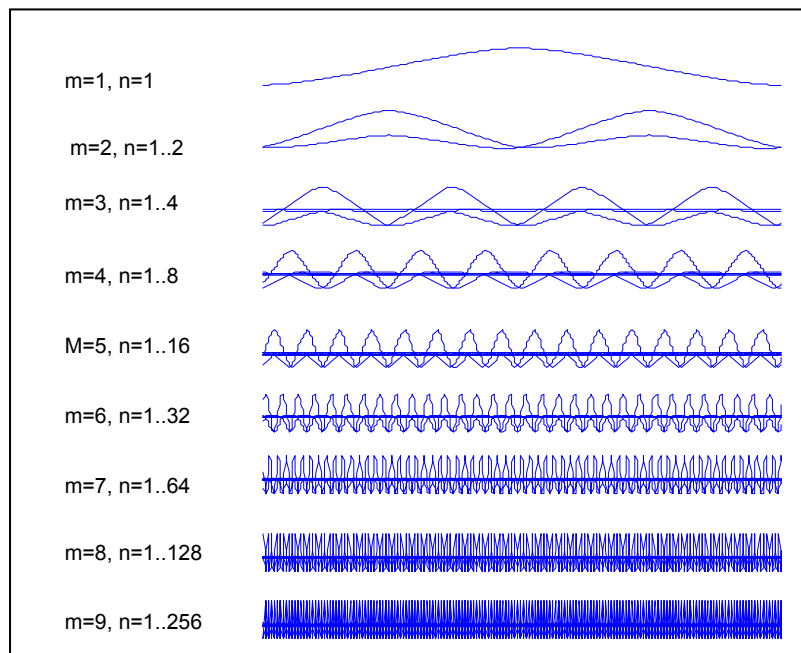


Figure 3 : Famille d'ondelettes utilisée pour la décomposition du signal S_θ . On compte ici 511 ondelettes qui sont toutes orthogonales, et qui constituent ainsi une base orthogonale de l'espace.

¹ En réalité, par construction, la base ne comporte pas 512 mais 511 ondelettes orthogonales, correspondant à autant d'intervalles entre les points.

II.1.1.c Modélisation

La modélisation du signal est peu coûteuse en calcul grâce à la propriété d'orthogonalité des ondelettes évoquée plus haut. Une fois la base construite, la décomposition du signal \mathbf{S}_0 revient à appliquer au vecteur \mathbf{S}_0 la matrice de passage de la base canonique à la base d'ondelettes, ou, en d'autres termes, à calculer les coordonnées du vecteur \mathbf{S}_0 dans la base d'ondelettes :

$$\mathbf{S}_0 = \sum_{i=1}^{N_p-1} \langle \mathbf{S}_0 | \varphi_i \rangle \varphi_i \quad \text{Eq. 2}$$

où $\langle \mathbf{S}_0 | \varphi_i \rangle$ représente la i -ème coordonnées du signal dans la base d'ondelettes.

Ainsi, si l'on décide de choisir $N < N_p - 1$ ondelettes pour modéliser le signal \mathbf{S}_0 , le meilleur modèle Y sera obtenu avec les N ondelettes ayant le plus grand produit scalaire en valeur absolue avec le signal.

$$Y(t) = \sum_{i \in \{A\}} \langle \mathbf{S} | \varphi_i \rangle \varphi_i(t) \quad \text{Eq. 3}$$

où A représente les indices des N plus grands produits scalaires en valeur absolue entre les φ_i et \mathbf{S}_0 ,

L'erreur quadratique moyenne de modélisation s'écrit alors :

$$J = \frac{1}{N_p} \sum_{j=1}^{N_p} (\mathbf{S}(j) - Y(j))^2 \quad \text{Eq. 4}$$

II.1.2 Résultats de la décomposition

L'exemple d'un modèle à $N = 10$ ondelettes du battement précédent est représenté ci-dessous (Figure 4).

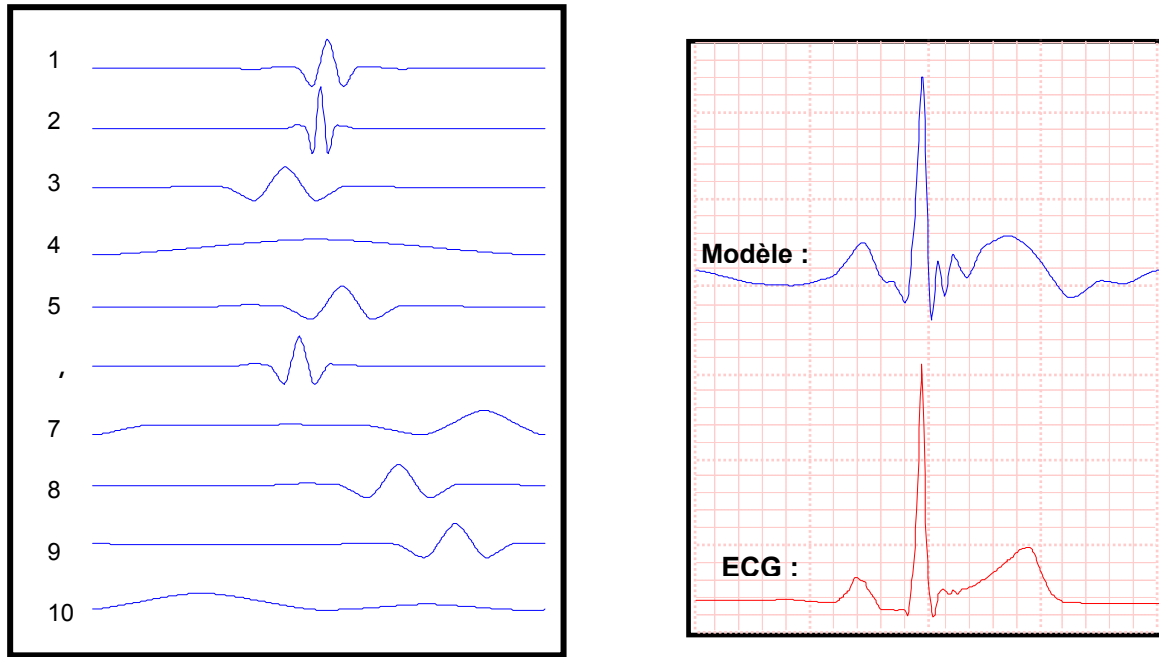


Figure 4 : Le meilleur modèle Y à $N = 10$ Coiflets pour le signal S_0 est représenté en haut à droite. La décomposition est la somme pondérée des 10 ondelettes présentées à gauche.

La modélisation illustrée en Figure 4 n'est pas très satisfaisante : l'erreur quadratique moyenne est de l'ordre de 6.10^{-3} . Pour que le modèle soit mieux représentatif du signal, il serait utile d'augmenter le nombre d'ondelettes utilisées ($N > 10$).

De plus, ce modèle ne répond pas à notre exigence indiquée dans le paragraphe I.2, soit modéliser chaque onde cardiaque par un régresseur particulier. Ici, la somme pondérée de tous les régresseurs peut être comparée au signal original et en fournir une expression analytique plus ou moins satisfaisante selon N , mais *aucun régresseur n'a de signification particulière en termes d'ondes cardiaques*.

Une application de transformées en ondelettes pour l'analyse du signal ECG est proposé par [Thoraval, 1994]. Toutefois le signal qui subit cette transformation n'est pas le signal ECG mais un signal calculé à partir de ce dernier par une application non linéaire qui met en évidence les points d'inflexions de la courbe correspondant à des débuts et des fins d'ondes potentielles. Une chaîne de Markov cachée analyse ensuite les résultats issus de cette décomposition pour repérer les ondes caractéristiques [Senhadji, 1996]. Cette étude montre que la transformée non linéaire associée à une transformée en ondelettes donne de meilleurs résultats qu'une transformée en ondelette seule [Senhadji, 1996], ce qui montre l'importance

d'un travail sur le signal en amont de la reconnaissance qui est l'approche proposée ici, cependant notre volonté d'associer à chaque régresseur (ici des ondelettes) une onde caractéristique n'est pas satisfaite par cette démarche.

Une transformation du signal ECG en ondelette est également proposée par [Bahoura, 1997] pour la détection des ondes QRS, P et T. Les résultats sur le repérage des ondes QRS est de 99.7% de réussite sur la base MIT [MIT-DB, 1997], ce qui est légèrement inférieur à celui obtenu par notre algorithme 99.91%, et les résultats sur les ondes P et T ne sont pas communiqués, à cause vraisemblablement de l'absence de base étiquetée.

Une troisième application des ondelettes couramment proposée en ECG est la compression du signal [Hilton, 1997], [Ahmed, 2000], ce qui n'est pas le but recherché ici dans un premier temps.

II.2 Modélisation par un réseau de neurones à fonctions dorsales

Les réseaux de neurones à fonction d'activation dorsale constituent un deuxième outil d'approximation classiquement utilisé en régression [Dreyfus, 2002].

II.2.1 Principe de la modélisation

Un réseau de neurones est une somme pondérée de fonctions non-linéaires paramétrées, appelées « neurones cachés », des variables de la fonction à modéliser. Chaque neurone caché est généralement la tangente hyperbolique d'une somme pondérée des variables du modèle. Il est commode de représenter graphiquement le modèle, comme nous l'avons fait sur la Figure 5 pour un réseau à une seule variable (le temps), ce qui correspond à la modélisation d'un signal temporel tel que celui de l'électrocardiogramme.

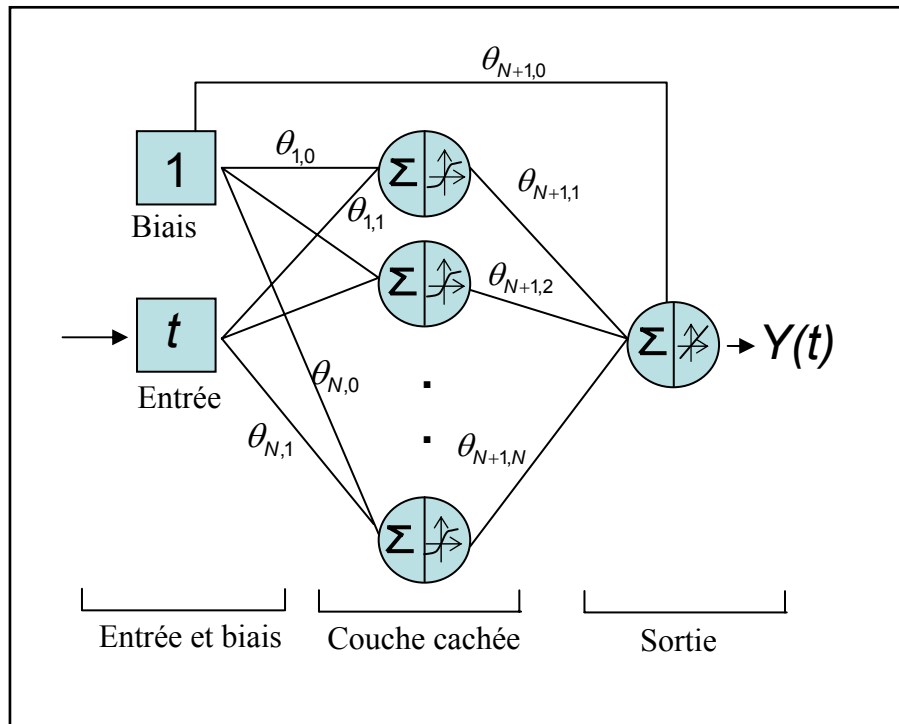


Figure 5 : Réseau de neurones à une couche cachée. Ici pour modéliser un signal d'une seule variable à une dimension, il suffit d'une unique entrée et d'une sortie. La sortie est une somme pondérée des fonctions tangentes hyperboliques des N neurones cachés.

Le modèle Y obtenu s'écrit de la manière suivante :

$$Y(t) = \sum_{i=1}^N \theta_{N+1,i} \tanh(\theta_{i,1} t + \theta_{i,0}) + \theta_{N+1,0} \quad \text{Eq. 5}$$

où N est le nombre de neurones cachés, $\theta_{i,1}$ la pondération de la variable du modèle dans la fonction réalisée par le neurone caché i , $\theta_{N+1,i}$ la pondération du neurone caché i dans la sortie du modèle (indiquée $N+1$), $\theta_{i,0}$ la pondération du biais dans la fonction réalisée par le neurone caché i , et $\theta_{N+1,0}$ la pondération du biais dans la sortie du modèle.

L'estimation des paramètres se fait par optimisation d'une fonction de coût (définie plus loin par l'équation 8), calculée sur un ensemble d'apprentissage. Celui-ci est constitué des couples de valeurs : l'abscisse de chaque point (position temporelle t) et l'ordonnée correspondante. Pour le signal S de N_p points, cette base de données est constituée des N_p couples :

$$\{(1, S(1)), (2, S(2)), \dots, (N_p, S(N_p))\} \quad \text{Eq. 6}$$

II.2.2 Résultats de la modélisation

Après estimation des paramètres θ du réseau, moyennant un bon choix a priori du nombre de neurones cachés $N = 10$, on obtient un modèle satisfaisant au sens de l'erreur quadratique moyenne, de l'ordre de 10^{-4} . Mais, ici encore, les régresseurs, ici les tangentes hyperboliques correspondant aux neurones cachés, ne portent pas d'information en eux-mêmes ; seule leur somme pondérée est significative (Figure 6).

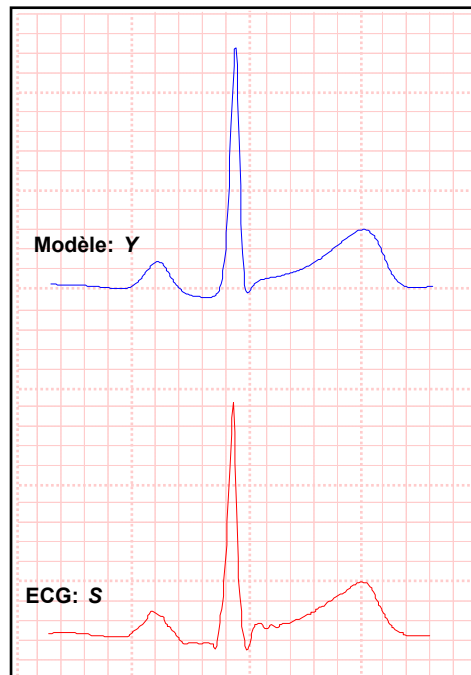


Figure 6 : Modèle obtenu avec un réseau de neurones à fonctions dorsales (tangente hyperbolique) avec 10 neurones cachés. Le modèle est la somme de ces fonctions qui sont autant de régresseurs. Ce modèle est satisfaisant au sens de l'erreur quadratique moyenne, mais, individuellement, ces fonctions n'ont pas de signification.

Les réseaux de neurones à fonction dorsale ne sont donc pas adaptés pour l'étiquetage des ondes caractéristiques. Le fait de ne pas avoir de correspondance entre régresseurs et ondes caractéristiques vient essentiellement de la forme des régresseurs (tangente hyperbolique ici) qui n'est pas adaptée à la forme des ondes.

L'étude d'un réseau à fonction radiale va donner des résultats plus intéressants.

II.3 Modélisation par un réseau de fonctions radiales de base (RBF pour Radial Basis Function)

II.3.1 Principe de la modélisation

La modélisation par RBF est beaucoup plus pertinente pour l'étude qui nous intéresse car on peut choisir comme fonction de base une gaussienne qui, une fois ses paramètres adaptés, possède une forme qui pourrait être une bonne représentation de chacune des ondes cardiaques.

Ici, les paramètres du réseau sont, d'une part, les pondérations des fonctions radiales, et, d'autre part, les paramètres des gaussiennes (moyenne et écart-type). De même que pour les réseaux précédents, le nombre N de fonctions à utiliser pour le modèle doit être fixé a priori (Figure 7).

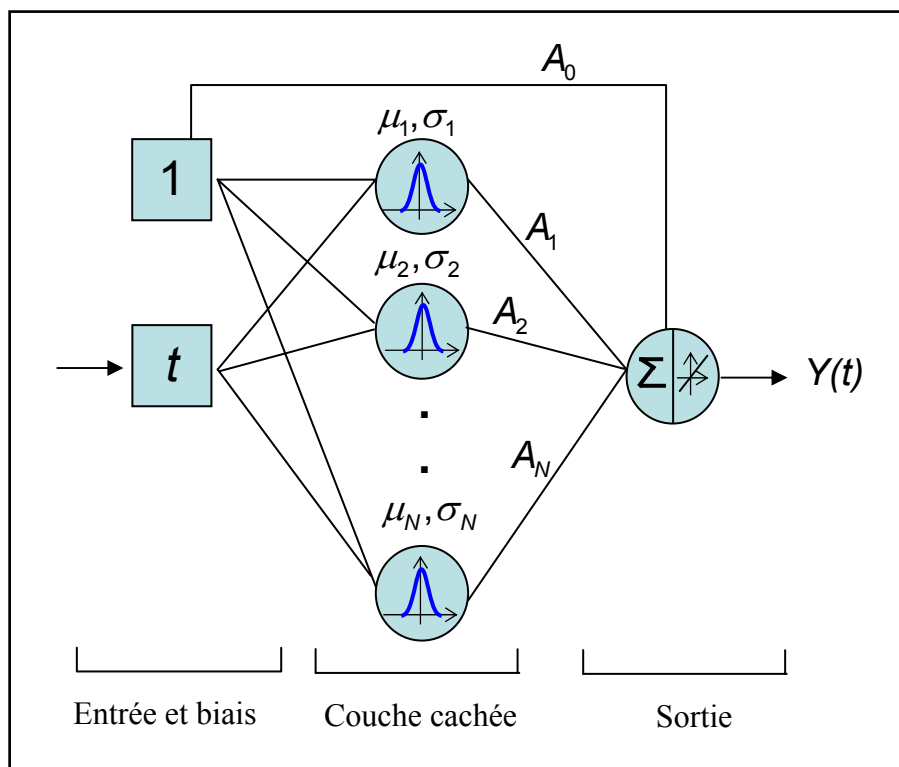


Figure 7 : Réseau de neurones à fonctions radiales. L'architecture est identique à celle du réseau précédent. En revanche, les paramètres sont les paramètres des N gaussiennes, et le poids de chaque gaussienne dans la combinaison linéaire de sortie.

Le modèle obtenu Y peut s'écrire de la manière suivante :

$$Y(t) = \sum_{i=1}^N A_i \exp\left(-\frac{(t - \mu_i)^2}{2\sigma_i^2}\right) + A_0 \quad \text{Eq. 7}$$

où A_i est la pondération de la gaussienne i dans la somme (analogue aux $\theta_{N+1, i}$ du modèle précédent), μ_i et σ_i respectivement la moyenne et l'écart type de la gaussienne i .

Ce modèle Y est particulièrement intéressant car c'est une combinaison linéaire de fonctions gaussiennes : c'est donc une décomposition du signal en une somme de fonctions qui sont proches en forme des ondes caractéristiques à modéliser. On espère ainsi associer à chaque onde caractéristique une fonction gaussienne.

L'optimisation de ces paramètres se fait par la minimisation d'une fonction de coût J calculée sur la base même d'apprentissage que dans le cas des réseaux de neurones. On utilise pour J l'erreur quadratique moyenne :

$$J(\tilde{\mu}, \tilde{\sigma}, \tilde{A}) = \frac{1}{N_p} \sum_{i=1}^{N_p} (S(i) - Y(i))^2 \quad \text{Eq. 8}$$

$$J(\tilde{\mu}, \tilde{\sigma}, \tilde{A}) = \frac{1}{N_p} \sum_{i=1}^{N_p} \left(S(i) - \sum_{j=1}^N A_j \exp\left(-\frac{(i - \mu_j)^2}{2\sigma_j^2}\right) + A_0 \right)^2 \quad \text{Eq. 9}$$

où $\tilde{\mu} = \{\mu\}_{i=[1, N]}$, $\tilde{\sigma} = \{\sigma\}_{i=[1, N]}$ et $\tilde{A} = \{A\}_{i=[1, N]}$

J est non linéaire en les paramètres, ce qui impose, pour la recherche de son minimum, l'utilisation d'un algorithme itératif qui nécessite une initialisation arbitraire des paramètres du réseau [Dreyfus, 2002]. Pour maximiser les chances de trouver le minimum global de J , plusieurs initialisations des poids et donc plusieurs apprentissages sont nécessaires, ce qui multiplie d'autant le temps de calcul.

Afin d'éviter ces multiples apprentissages, il est souhaitable que les valeurs initiales des paramètres soient telles que la fonction de coût soit aussi proche que possible de son minimum.

II.3.2 Initialisation du réseau – Orthogonal Forward Regression

L'idée est donc d'initialiser les paramètres du réseau (écarts-types, moyennes et amplitudes de chacune des gaussiennes) avec des valeurs proches des valeurs optimales. Une telle tâche peut être réalisée par l'algorithme d'« orthogonal forward regression (OFR) » fondé sur l'algorithme d'orthogonalisation de Gram-Schmidt [Chen, 1967], [Oussar, 2000].

Un tel algorithme permet de classer des régresseurs par ordre de pertinence pour représenter un vecteur donné. On va donc utiliser cet algorithme pour classer par ordre de pertinence pour le battement à modéliser des gaussiennes prédéfinies. Les 10 gaussiennes les plus pertinentes permettront l'initialisation du réseau de neurones.

Plus précisément, soit une famille de régresseurs \mathbf{B} , et un signal \mathbf{S} ; l'OFR permet donc de classer par ordre de pertinence les régresseurs de la famille \mathbf{B} pour l'explication de \mathbf{S} , par orthogonalisations successives [Chen, 1967]. Nous montrons ainsi dans le paragraphe suivant comment l'on peut ainsi construire une bibliothèque \mathbf{B} de N_b gaussiennes, et la manière de sélection des N gaussiennes les plus pertinentes pour l'explication du battement cardiaque \mathbf{S} .

II.3.2.a Construction de la bibliothèque \mathbf{B}

Comme dans le cas de la base d'ondelettes construite précédemment, la bibliothèque \mathbf{B} contient des gaussiennes de différentes largeurs centrées, à différents emplacements temporels (Figure 8).

Pour un signal de N_p points, \mathbf{B} est l'ensemble suivant :

$$\mathbf{B} = \left\{ \begin{array}{l} \mathbf{N}(\mu, \sigma), \\ \mu = j.n/2^k, \sigma = n/2^{k-2} \\ j \in [0, 2^k], k \in [1, K_{\max}] \end{array} \right\} \quad \text{Eq. 10}$$

où $\mathbf{N}(\mu, \sigma)$ est la fonction gaussienne d'écart-type σ et de moyenne μ ; K_{\max} est défini de telle manière que le plus petit écart-type σ^{\min} corresponde à la demi largeur de la plus petite onde caractéristique de l'ECG (nous utilisons dans la pratique $\sigma^{\min} = n/2^{K_{\max}-2} = 20$ ms).

Dans la suite des équations, les N_b régresseurs de la bibliothèque \mathbf{B} seront notés $\{\mathbf{B}_i\}_{i=[1..N_b]}$.

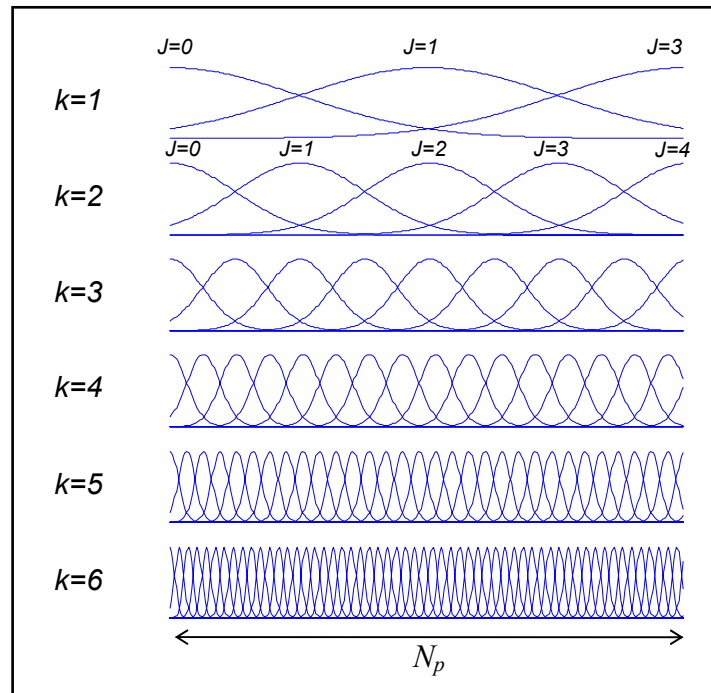


Figure 8 : La bibliothèque de gaussiennes est construite sur le schéma de la base d'ondelettes : elle compte ici 132 gaussiennes pour $N_p=342$, dont les moyennes et les écarts types sont donnés par l'équation 10.

II.3.2.b Représentations et conventions

Le battement à modéliser \mathbf{S} et les régresseurs de la bibliothèque sont des signaux temporels constitués de N_p points d'échantillonnage. Pour l'application de l'algorithme d'OFR, ils sont considérés comme des vecteurs de l'espace à N_p dimensions, appelé habituellement « espace des observations ».

Ici, on considère donc deux représentations ^{II}:

- une représentation *temporelle*, dans laquelle le signal \mathbf{S} et les régresseurs sont des fonctions du temps, cet espace est habituellement appelé l'espace des variables,
- et une représentation *vectorielle*, dans laquelle le signal \mathbf{S} et les régresseurs \mathbf{B} sont des vecteurs de l'espace des observations, de dimension N_p . Pour distinguer ces deux représentations, les vecteurs seront représentés en gras.

La sélection des N régresseurs s'effectue dans l'espace des observations ; elle commence dans l'espace de dimension N_p , et, à chaque itération, l'algorithme opère dans un espace dont la dimension est réduite d'une unité, qui est l'espace orthogonal à celui de l'itération précédente.

^{II} L'importance de cette distinction entre l'espace des variables et l'espace des observations reste superflue ici. Elle est cependant introduite à ce niveau pour faciliter l'analogie avec la méthode présentée dans les paragraphes suivants.

Dans ce qui suit, le numéro de l'itération sera indiqué par un exposant à droite de la lettre représentant le signal ou l'un des régresseurs. Notons qu'un vecteur portant un indice supérieur i s'exprime dans une base orthogonale à celle où s'exprime un vecteur portant un indice supérieur $i-1$; un tel vecteur portera en indice m_i , qui représente son numéro dans la bibliothèque.

Dans la représentation temporelle, une fonction régresseur ne portera que l'indice m_i , suffisant pour indiquer l'itération qui a permis sa sélection. L'erreur de modélisation à l'issue de chaque itération portera, en exposant, le numéro de cette itération.

II.3.2.c Itération 1 de l'algorithme

- Sélection

À la première itération, le signal à modéliser est $\mathbf{S} = \mathbf{S}^1$, et les régresseurs appartiennent à la famille $\mathbf{B} = \mathbf{B}^1 = \{\mathbf{B}_i^1\}_{i=[1..N_b]}$.

Le vecteur de la famille \mathbf{B}^1 qui explique le mieux le signal \mathbf{S}^1 est celui qui réalise le plus petit angle avec ce dernier dans l'espace de dimension N_p . Autrement dit, c'est celui qui a le plus grand cosinus en valeur absolue avec le signal \mathbf{S}^1 .

Soit m_1 l'indice de ce régresseur dans la famille \mathbf{B}^1 :

$$m_1 = \operatorname{argmax}_{k \in [1..N_b]} \left(\frac{|\langle \mathbf{S}^1 | \mathbf{B}_k^1 \rangle|}{\|\mathbf{S}^1\| \cdot \|\mathbf{B}_k^1\|} \right) \quad \text{Eq. 11}$$

On remarque que ce calcul, pour des vecteurs régresseurs ayant tous la même norme, revient à chercher le régresseur qui a le produit scalaire le plus grand avec \mathbf{S}^1 , ce qui est équivalent à rechercher le régresseur le plus corrélé avec \mathbf{S}^1 dans l'espace temporel.

Le régresseur $\mathbf{B}_{m_1}^1$ sélectionné explique \mathbf{S}^1 dans sa direction ; de \mathbf{S}^1 il reste donc à « expliquer » ce qui se trouve dans le sous-espace orthogonal à ce vecteur régresseur.

- Orthogonalisation

On orthogonalise donc les N_b-1 régresseurs restants, et le vecteur \mathbf{S}^1 par rapport à $\mathbf{B}_{m_1}^1$

$$\begin{aligned} \mathbf{B}_k^2 &= \mathbf{B}_k^1 - \langle \mathbf{B}_k^1 | \mathbf{B}_{m_1}^1 \rangle \mathbf{B}_{m_1}^1 & \forall k &= [1, N_b] \setminus \{m_1\} \\ \mathbf{S}^2 &= \mathbf{S}^1 - \langle \mathbf{S}^1 | \mathbf{B}_{m_1}^1 \rangle \mathbf{B}_{m_1}^1 \end{aligned} \quad \text{Eq. 12}$$

La famille $\mathbf{B}^2 = \{\mathbf{B}_i^2\}_{i=[1..N_b] \setminus \{m_1\}}$ est ce qui reste des vecteurs de la famille \mathbf{B}^1 dans l'espace orthogonal à $\mathbf{B}_{m_1}^1$; \mathbf{S}^2 est ce qui reste de \mathbf{S}^1 à expliquer avec les régresseurs de \mathbf{B}^2 c'est-à-dire la partie de \mathbf{S}^1 se trouvant dans le sous-espace orthogonal à $\mathbf{B}_{m_1}^1$ (Figure 9).

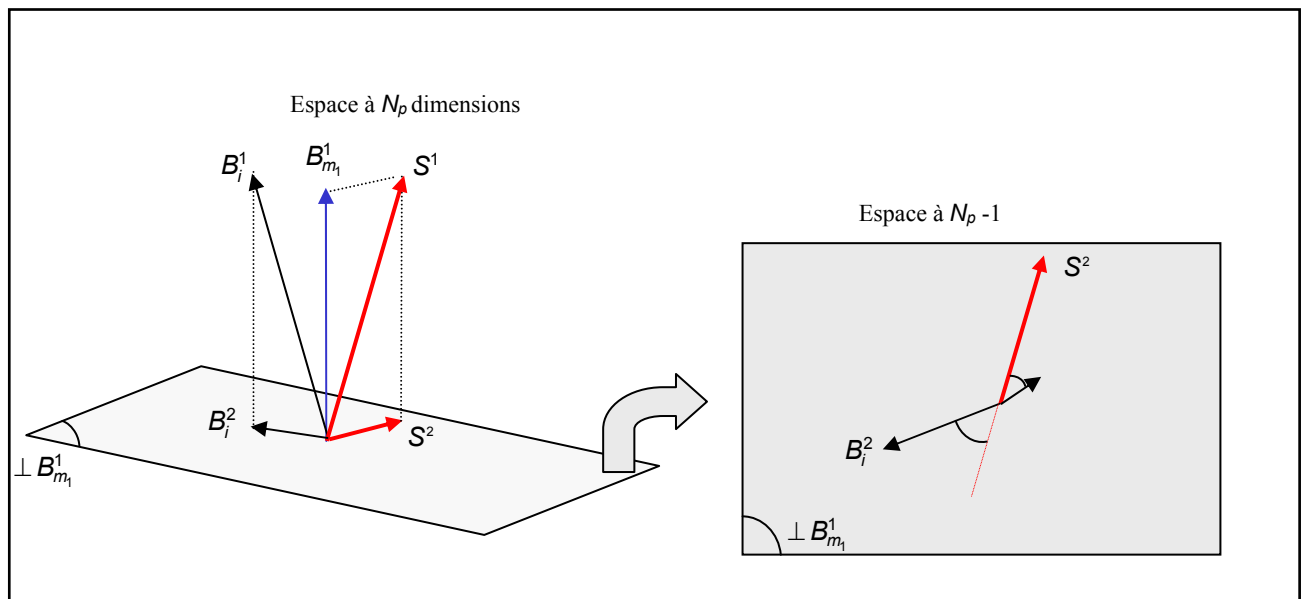


Figure 9: Suite à la sélection du régresseur m_1 qui explique au mieux le signal \mathbf{S} , les régresseurs restants, ainsi que le signal, sont projetés dans l'espace orthogonal à $\mathbf{B}_{m_1}^1$, noté $\perp \mathbf{B}_{m_1}^1$. L'itération 2 s'effectue dans ce nouvel espace de dimension $N_p - 1$.

II.3.2.d Itérations suivantes

Cette première orthogonalisation diminue donc l'espace d'une dimension : il est maintenant de dimension $N_p - 1$; nous disposons de $N_b - 1$ régresseurs pour expliquer le signal \mathbf{S}^2 .

Ainsi, à l'itération $i-1$, nous avons effectué $i-1$ orthogonalisations, et nous avons sélectionné les régresseurs $(\mathbf{B}_{m_1}^1, \mathbf{B}_{m_2}^2, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{i-1})$. Il nous reste $N_b - i + 1$ régresseurs pour expliquer le signal \mathbf{S}^i dans un espace de dimension $N_p - i + 1$.

- Sélection

Comme précédemment, l'indice m_i du régresseur sélectionné est celui pour lequel la valeur absolue du cosinus avec le signal \mathbf{S}^i est maximale ; m_i s'écrit :

$$m_i = \underset{k \in [1, N_b] \setminus \{m_1, \dots, m_{i-1}\}}{\operatorname{argmax}} \left(\frac{|\langle \mathbf{S}^i | \mathbf{B}_k^i \rangle|}{\|\mathbf{S}^i\| \cdot \|\mathbf{B}_k^i\|} \right) \quad \text{Eq. 13}$$

- Orthogonalisation

Le signal et les régresseurs restants sont ensuite orthogonalisés par rapport à $\mathbf{B}_{m_i}^i$.

$$\begin{aligned} \mathbf{B}_k^{i+1} &= \mathbf{B}_k^i - \langle \mathbf{B}_k^i | \mathbf{B}_{m_i}^i \rangle \mathbf{B}_{m_i}^i \quad \forall k = [1, N_b] \setminus \{m_1, m_2, \dots, m_i\} \\ \mathbf{S}^{i+1} &= \mathbf{S}^i - \langle \mathbf{S}^i | \mathbf{B}_{m_i}^i \rangle \mathbf{B}_{m_i}^i \end{aligned} \quad \text{Eq. 14}$$

- Terminaison

En itérant cet algorithme N fois, on sélectionne donc les N régresseurs de la bibliothèque qui expliquent le mieux le signal. On peut donc écrire, d'après l'équation 14 :

$$\mathbf{S} = \sum_{i=1}^N \langle \mathbf{S}^i | \mathbf{B}_{m_i}^i \rangle \mathbf{B}_{m_i}^i + \mathbf{S}^{N+1} \quad \text{Eq. 15}$$

$$\Leftrightarrow \exists \{ \mathbf{A}_i \}_{i=[1..N]} \quad / \quad \mathbf{S}(t) = \sum_{i=1}^N \mathbf{A}_i \mathbf{B}_{m_i}(t) + \mathbf{E}(t) \quad \text{Eq. 16}$$

où $\mathbf{E}(t)$ est l'erreur de modélisation.

[Chen, 1967] montre que la famille des $\{ \mathbf{A}_i \}_{i=[1..N]}$ est identique à celle obtenue par une optimisation linéaire des moindres carrés des fonctions $\{ \mathbf{B}_{m_i} \}_{i=[1..N]}$.

Dans notre cas, où l'on réalise une modélisation non linéaire, les paramètres $\{ (\mu_{m_i}, \sigma_{m_i}, \mathbf{A}_{m_i}) \}_{i=[1..N]}$ des régresseurs $\{ \mathbf{B}_{m_i} \}_{i=[1..N]}$ constituent un bon point de départ pour initialiser les paramètres du réseau en vue de l'optimisation [Oussar, 2000].

II.3.3 Estimation des paramètres du réseau

Ainsi, le réseau étant initialisé avec des coefficients proches d'une bonne solution, on va maintenant les ajuster grâce à la minimisation de l'erreur quadratique moyenne entre le modèle créé et le signal \mathbf{S} .

Pour un réseau à N gaussiennes, le modèle a l'expression donnée par l'équation 7, l'erreur quadratique moyenne est donc

$$J(\tilde{\mu}, \tilde{\sigma}, \tilde{\mathbf{A}}) = \frac{1}{N_p} \sum_{j=1}^{N_p} (\mathbf{S}(j) - Y(j))^2 \quad \text{Eq. 17}$$

$$J(\tilde{\mu}, \tilde{\sigma}, \tilde{\mathbf{A}}) = \frac{1}{N_p} \sum_{j=1}^{N_p} \left(\mathbf{S}(j) - \sum_{i=1}^N A_i \exp\left(-\frac{(j - \mu_i)^2}{2\sigma_i^2}\right) \right)^2 \quad \text{Eq. 18}$$

L'apprentissage du réseau se fait par minimisation de J par rapport aux paramètres. Pour ce faire, nous utilisons ici quelques itérations de gradient simple, puis des itérations de BFGS (du nom de ses inventeurs Broyden, Fletcher, Goldfarb et Shanno) [Minoux, 1983] qui est un algorithme du second ordre : la direction d'optimisation est calculée à partir d'une estimation des dérivées secondes de J par rapport à ces paramètres, ce qui assure une bonne convergence en fin d'apprentissage (cf. Annexe B).

II.3.4 Résultats de la modélisation

Nous présentons, sur la Figure 10, les résultats pour $N = 10$ gaussiennes, ce qui représente en tout 30 paramètres dans le réseau. Ce choix sera justifié dans la suite.

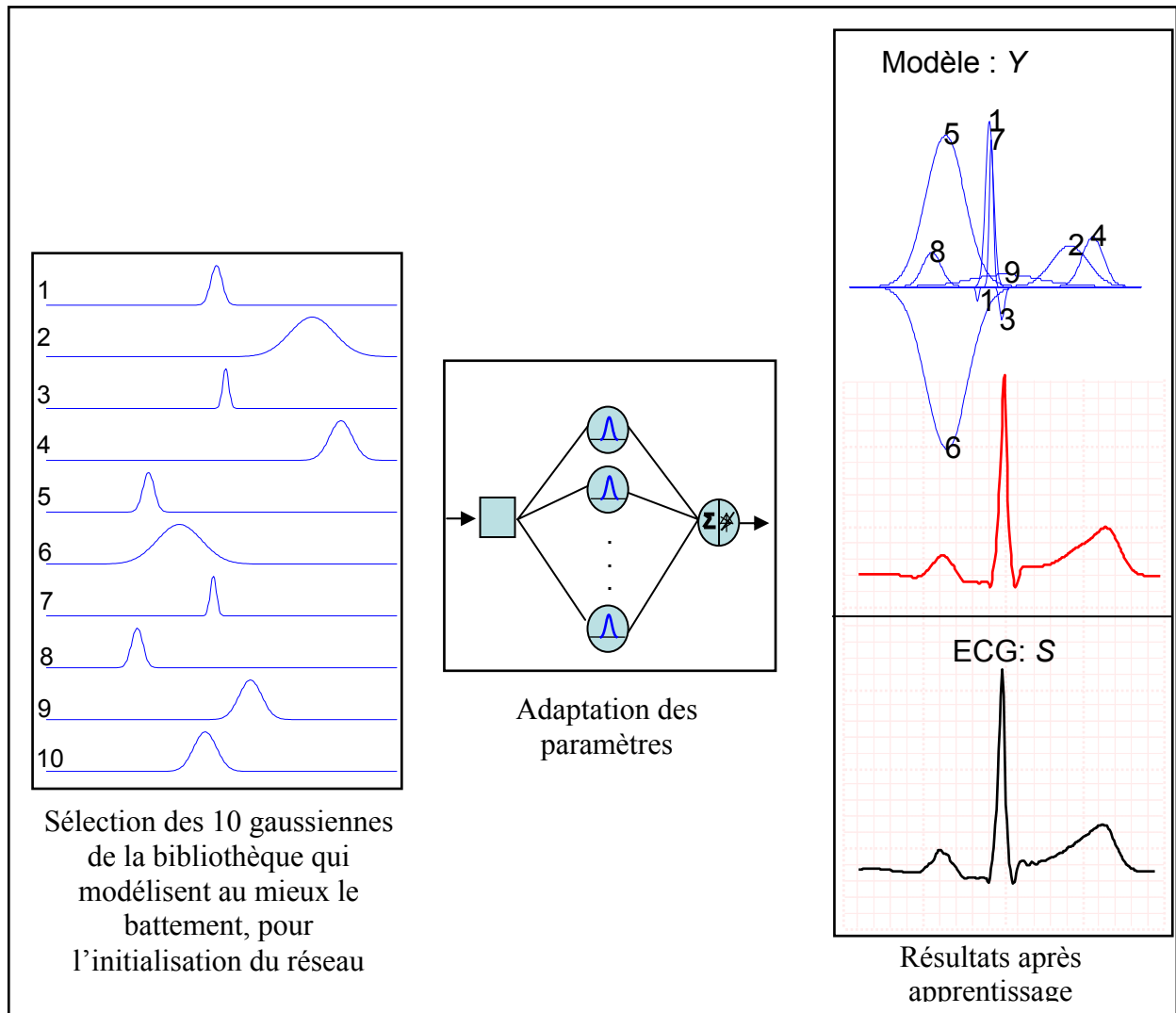


Figure 10 : La décomposition du battement en fonctions gaussiennes s'effectue en deux étapes successives : la sélection des $N = 10$ gaussiennes les plus représentatives du signal dans une bibliothèque préalablement construite, et l'adaptation des paramètres de ces gaussiennes par un réseau de RBF. Le modèle obtenu est présenté à droite au centre, et la décomposition est présentée à droite en haut.

Le modèle obtenu est satisfaisant au sens de l'erreur quadratique moyenne, qui est de l'ordre de $3 \cdot 10^{-5}$, ce qui prouve que l'apprentissage qui a été effectué est correct. Mais ce critère de qualité de la représentation globale de S n'est pas suffisant pour rendre compte d'une identification des ondes caractéristiques du battement. On remarque, en regardant le modèle décomposé sur la Figure 10 en haut à droite, que les gaussiennes sont situées à des emplacements correspondant assez bien aux ondes P, Q, R, S et T, mais qu'il reste deux inconvénients majeurs :

- certaines des gaussiennes (les gaussiennes 5 et 6 dans le cas présent) se compensent et, par conséquent, aucune des deux ne représente une onde caractéristique,
- beaucoup d'ondes sont modélisées par plus d'une gaussienne, comme ici le QRS et l'onde T.

Ces deux remarques vont nous conduire à modifier légèrement l'algorithme.

II.4 Régression orthogonale directe généralisée (GOFR : generalized orthogonal forward regression) par fonctions radiales de base

II.4.1 Principe de l'algorithme

Pour éviter ces problèmes de modélisation par plusieurs régresseurs du modèle d'une même onde caractéristique, nous avons développé méthode originale de *sélection adaptative* : contrairement à l'algorithme précédent dans lequel les régresseurs pertinents sont d'abord sélectionnés, puis ajustés au battement, la procédure présentée ici intègre à chaque étape *sélection* et *ajustement*, régresseur par régresseur : avant chaque orthogonalisation par rapport à un régresseur sélectionné, on effectue une optimisation sommaire des paramètres de celui-ci afin de le rapprocher au mieux du signal. Une fois optimisé, ce nouveau régresseur remplace l'ancien dans la bibliothèque et l'orthogonalisation se fait par rapport à ce dernier.

Nous décrivons ce principe en détail ci-dessous.

S est le signal à modéliser, et nous disposons de la même bibliothèque que précédemment

$$\{B_i\}_{i=1..N_b}$$

Soit Y le modèle construit, et E l'erreur de modélisation. Avant la première itération, le modèle construit est $Y = 0$; l'erreur de modélisation est donc $E^1 = S - 0 = S$.

Ici, la distinction entre l'espace des variables et l'espace des observations introduite au paragraphe II.3.2.b prend tout son sens. Dans la représentation temporelle, le signal, noté S , est constitué des N_p points d'échantillonnage, et les régresseurs sont des fonctions temporelles paramétrées. L'apprentissage, qui porte sur les paramètres de ces régresseurs, est donc réalisé

pour cette représentation, et c'est également dans cette représentation que se calcule l'erreur quadratique moyenne J entre le signal \mathbf{S} et le modèle Y , et l'erreur de modélisation E .

Dans la représentation vectorielle, le signal \mathbf{S} est un vecteur de N_p dimensions, ainsi que chacun des régresseurs. On effectue le calcul des angles pour la sélection itérative des N régresseurs du modèle. Comme précédemment, le numéro de l'itération $i = 1..N$ est indiqué par un exposant. On ajoute ici une (*) à droite du symbole des régresseurs indiquant que ceux-ci ont été ajustés par optimisation.

Ainsi le signal qui permet la sélection du régresseur à la i -ème itération dans l'espace des observations : \mathbf{S}^i , n'est plus relié à l'erreur de modélisation E^i qui permet l'apprentissage de cette bosse une fois sélectionnée. L'hypothèse faite ici est que le \mathbf{S}^i de la représentation vectorielle est proche de la partie de E^i qui est dans l'espace orthogonal aux régresseurs d'indices (m_1, m_{i-1}) (une vérification de cette hypothèse est proposée en Annexe C).

II.4.1.a Première itération

- Sélection

À la première itération, le signal est $\mathbf{S} = \mathbf{S}^1$, et les vecteurs régresseurs sont les $\mathbf{B}^1 = \{\mathbf{B}_i^1\}_{i=1..N_b}$; le vecteur de la famille \mathbf{B}^1 le plus pertinent porte l'indice m_1 , qui s'écrit de la manière suivante :

$$m_1 = \operatorname{argmax}_{k \in [1, N_b]} \left(\frac{|\langle \mathbf{S}^1 | \mathbf{B}_k^1 \rangle|}{\|\mathbf{S}^1\| \cdot \|\mathbf{B}_k^1\|} \right) \quad \text{Eq. 19}$$

Une fois sélectionné, le régresseur \mathbf{B}_{m_1} peut être envisagé comme une fonction temporelle paramétrée utilisée pour modéliser \mathbf{S} ; on optimise ses paramètres pour le faire se « rapprocher » au mieux de \mathbf{S}^{III} avant de chercher un deuxième régresseur.

^{III} Ou plus exactement la partie de \mathbf{S} comprise dans une fenêtre temporelle définie par les paramètres de \mathbf{B}_{m_1} :

μ_{m_1}, σ_{m_1}

- Optimisation du régresseur $B_{m_1}^1$

L'optimisation du régresseur se fait dans la représentation temporelle en minimisant l'erreur quadratique moyenne J entre ce qui est à modéliser: $E^1=S$, et la fonction B_{m_1} , d'écart-type σ_{m_1} , de position temporelle μ_{m_1} , et d'amplitude A_{m_1} .

$$J(\sigma_{m_1}, \mu_{m_1}, A_{m_1}) = \frac{1}{N_p} \sum_{k=1}^{N_p} \left(E^1(k) - A_{m_1} \exp\left(-\frac{(k - \mu_{m_1,1})^2}{2\sigma_{m_1}^2}\right) \right)^2 \quad \text{Eq. 20}$$

Cette optimisation a l'avantage d'être rapide car on n'optimise ici que trois paramètres : les paramètres d'une gaussienne.

A l'issue de cette optimisation, les paramètres $\sigma_{m_1}^*$, $\mu_{m_1}^*$ et $A_{m_1}^*$ du régresseur $B_{m_1}^*$ sont ajustés, et sont solutions du problème d'optimisation.

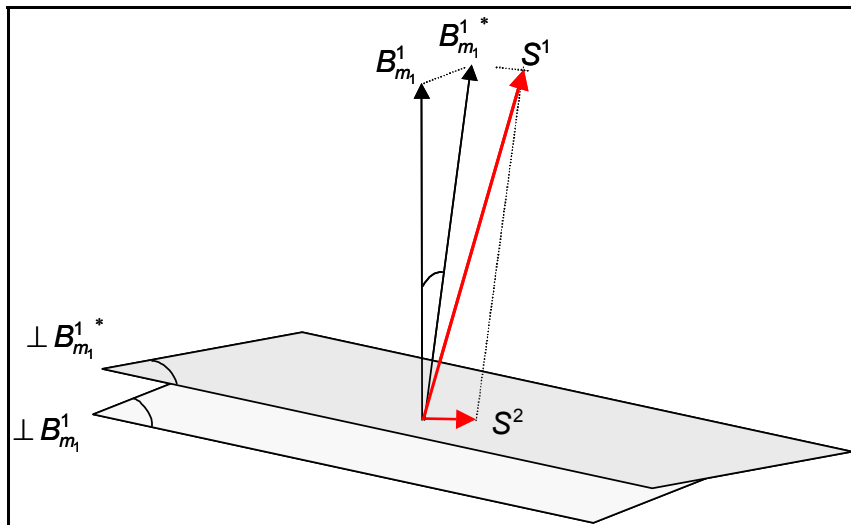


Figure 11 : La première itération de l'algorithme est constituée de trois étapes. 1) la sélection du meilleur régresseur $B_{m_1}^1$ de la bibliothèque obtenue par le calcul des angles que chacun d'eux forme avec le signal. 2) L'ajustement des paramètres du régresseur sélectionné pour obtenir le nouveau régresseur $B_{m_1}^{1*}$. 3) L'orthogonalisation des régresseurs restant et du signal par rapport à $B_{m_1}^{1*}$ pour se placer dans un espace orthogonal à $B_{m_1}^{1*}$, noté $\perp B_{m_1}^{1*}$. Les itérations suivantes sont construites sur ce même schéma de trois étapes.

- Orthogonalisation

L'orthogonalisation est effectuée par rapport au *régresseur ajusté* $\mathbf{B}_{m_1}^{1*}$ et non par rapport au *régresseur sélectionné* $\mathbf{B}_{m_1}^1$ comme c'était le cas précédemment :

$$\begin{aligned}\mathbf{B}_k^2 &= \mathbf{B}_k^1 - \left\langle \mathbf{B}_k^1 \mid \mathbf{B}_{m_1}^{1*} \right\rangle \mathbf{B}_{m_1}^{1*} \quad \forall k = [1, N_b] \setminus \{m_1\} \\ \mathbf{S}^2 &= \mathbf{S}^1 - \left\langle \mathbf{S}^1 \mid \mathbf{B}_{m_1}^{1*} \right\rangle \mathbf{B}_{m_1}^{1*}\end{aligned}\tag{Eq. 21}$$

\mathbf{S}^2 et les $\{\mathbf{B}_i^2\}_{i=[1..N_b]\setminus\{m_1\}}$ sont respectivement ce qui reste du signal et des régresseurs dans l'espace orthogonal à $\mathbf{B}_{m_1}^{1*}$.

En revenant à la représentation temporelle, l'erreur de modélisation E^2 à l'itération 2 s'écrit :

$$E^2(t) = \mathbf{S}(t) - \mathbf{Y}(t) = \mathbf{S}(t) - \mathbf{B}_{m_1}^*(t)\tag{Eq. 22}$$

le modèle étant, à cette étape, $\mathbf{Y}(t) = \mathbf{B}_{m_1}^*(t)$

Après la première orthogonalisation, l'algorithme opère dans un espace de dimension $N_p - 1$, et nous disposons de $N_b - 1$ régresseurs pour expliquer le signal \mathbf{S}^2 , ce qui prépare à l'itération suivante (sélection, optimisation, orthogonalisation).

II.4.1.b Itérations suivantes

Supposons réalisées $i - 1$ itérations : nous avons donc effectué $i - 1$ sélections, optimisations, et orthogonalisations, pour obtenir les $i - 1$ régresseurs ajustés $\mathbf{B}_{m_1}^*, \mathbf{B}_{m_2}^*, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^*$.

Le modèle \mathbf{Y} s'écrit, à la fin de l'itération $i-1$:

$$\mathbf{Y}(t) = \sum_{k=1}^{i-1} \mathbf{B}_{m_k}^*(t)\tag{Eq. 23}$$

Et l'erreur de modélisation est :

$$E^i(t) = \mathbf{S}(t) - \mathbf{Y}(t) = \mathbf{S}(t) - \sum_{k=1}^{i-1} \mathbf{B}_{m_k}^*(t)\tag{Eq. 24}$$

Il nous reste donc $N_b - i + 1$ régresseurs pour expliquer le signal E^i dans un espace de dimension $N_p - i + 1$ orthogonal aux $(\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$.

- Sélection

Comme précédemment, l'indice m_i du régresseur sélectionné est celui pour lequel la valeur absolue du cosinus avec le signal \mathbf{S}^i est maximale ; m_i s'écrit donc :

$$m_i = \underset{k \in [1, N_b] \setminus \{m_1, \dots, m_{i-1}\}}{\operatorname{argmax}} \left(\frac{|\langle \mathbf{S}^i | \mathbf{B}_k^i \rangle|}{\|\mathbf{S}^i\| \cdot \|\mathbf{B}_k^i\|} \right) \quad \text{Eq. 254}$$

Le régresseur $\mathbf{B}_{m_i}^i$ est orthogonal aux $(\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$.

- Optimisation du régresseur \mathbf{B}_{m_i}

L'optimisation se fait comme précédemment par minimisation de la fonction de coût J par rapport aux paramètres σ_{m_i} , μ_{m_i} et A_{m_i} de \mathbf{B}_{m_i} . J est l'erreur quadratique moyenne entre ce qui reste à modéliser E^i et la gaussienne \mathbf{B}_{m_i} :

$$J(\sigma_{m_i}, \mu_{m_i}, A_{m_i}) = \frac{1}{N_p} \sum_{k=1}^{N_p} \left(E^i(k) - A_{m_i} \exp\left(-\frac{(k - \mu_{m_i,1})^2}{2\sigma_{m_i}^2}\right) \right)^2 \quad \text{Eq. 26}$$

A l'issue de cette optimisation, les paramètres sont $\sigma_{m_i}^*$, $\mu_{m_i}^*$ et $A_{m_i}^*$; la gaussienne optimisée est notée $\mathbf{B}_{m_i}^*$.

- Orthogonalisation

Il est important de noter que, contrairement à $\mathbf{B}_{m_i}^i$ de l'algorithme précédent, le régresseur $\mathbf{B}_{m_i}^{i*}$ n'est pas dans l'orthogonal de l'espace engendré par la famille des vecteurs $(\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$, car un apprentissage a été réalisé dans l'espace temporel à partir de \mathbf{B}_{m_i} .

Ceci étant, après l'orthogonalisation, on veut exprimer le signal et les régresseurs restants dans un espace orthogonal à l'espace engendré par les $(\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*}, \mathbf{B}_{m_i}^{1*})$ ^{IV}

À cette étape, il s'agit donc d'orthogonaliser le signal et les régresseurs restants par rapport à la composante du vecteur $\mathbf{B}_{m_i}^{i*}$, notée $\perp \mathbf{B}_{m_i}^{i*}$ ^V, qui se trouve dans l'espace orthogonal aux $(\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$.

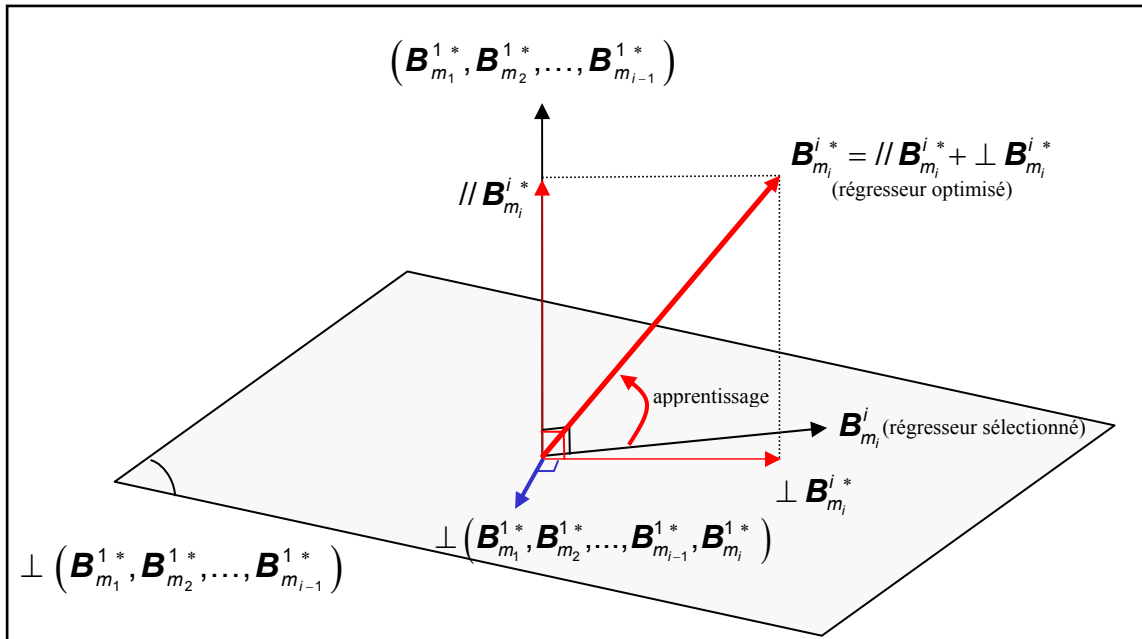


Figure 12: Après $i-1$ itérations de l'algorithme, l'ensemble des régresseurs se trouve dans un espace orthogonal à $(\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$ noté $\perp (\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$, et la sélection du m_i -ième régresseur se fait dans cet espace. Une fois que le régresseur est sélectionné, ses paramètres sont ajustés pour « représenter » au mieux le signal \mathbf{E}^i ; le régresseur obtenu est noté $\mathbf{B}_{m_i}^{i*}$. Comme il ne se trouve plus dans l'espace $\perp (\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$, on effectue l'orthogonalisation des régresseurs restant par rapport à la composante de $\mathbf{B}_{m_i}^{i*}$ qui se trouve dans l'espace $\perp (\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$, notée $\perp \mathbf{B}_{m_i}^{i*}$. On construit ainsi l'espace orthogonal aux $(\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*}, \mathbf{B}_{m_i}^{1*})$, nécessaire pour l'itération $i + 1$.

^{IV} On remarquera ici qu'il est nécessaire d'exprimer tous les vecteurs dans la même base : la base de départ, dont l'exposant est 1.

^V $\perp \mathbf{B}_{m_i}^{i*}$ s'exprime dans la base orthogonale aux $(\mathbf{B}_{m_1}^{1*}, \mathbf{B}_{m_2}^{1*}, \dots, \mathbf{B}_{m_{i-1}}^{1*})$

La procédure d'orthogonalisation s'effectue alors de manière analogue à ce qui a été vu précédemment :

$$\begin{aligned} \mathbf{B}_k^{i+1} &= \mathbf{B}_k^i - \langle \mathbf{B}_k^i | \perp \mathbf{B}_{m_i}^{i*} \rangle \perp \mathbf{B}_{m_i}^{i*} \quad \forall k = [1, N_b] \setminus \{m_1, \dots, m_i\} \\ \mathbf{S}^{i+1} &= \mathbf{S}^{i+1} - \langle \mathbf{S}^{i+1} | \perp \mathbf{B}_{m_i}^{i*} \rangle \perp \mathbf{B}_{m_i}^{i*} \end{aligned} \quad \text{Eq. 27}$$

- Terminaison

En effectuant N itération de cet algorithme, on obtient N gaussiennes pour modéliser le signal \mathbf{S} . Le modèle Y ainsi obtenu peut s'écrire :

$$Y(t) = \sum_{i=1}^N \mathbf{B}_{m_i}^*(t) \quad \text{Eq. 28}$$

où les $\{\mathbf{B}_{m_i}^*\}_{i=[1,N]}$ sont les gaussiennes de paramètres $\{(\mu_{m_i}^*, \sigma_{m_i}^*, \mathbf{A}_{m_i}^*)\}_{i=[1,N]}$.

II.4.2 Estimation des paramètres du réseau

Comme précédemment, on peut initialiser le réseau de RBF présenté au II.3.3 avec les paramètres $\{(\mu_{m_i}^*, \sigma_{m_i}^*, \mathbf{A}_{m_i}^*)\}_{i=[1,N]}$ et effectuer un apprentissage. En pratique, on remarque que les modifications apportées aux paramètres par ce nouvel apprentissage ne justifient pas le temps qui lui est consacré : les paramètres résultants sont en effet très proches des paramètres initiaux, la variation généralement constatée étant inférieure à 2%.

On se contente donc d'utiliser l'algorithme précédent pour obtenir la décomposition du signal en N gaussiennes.

II.4.3 Résultats de la modélisation

Le résultat de la modélisation du battement précédent avec $N = 10$ gaussiennes est présenté sur la Figure 13. Chaque gaussienne a donc été sélectionnée et optimisée ; un apprentissage final, simultané, des 10 gaussiennes n'a pas été effectué.

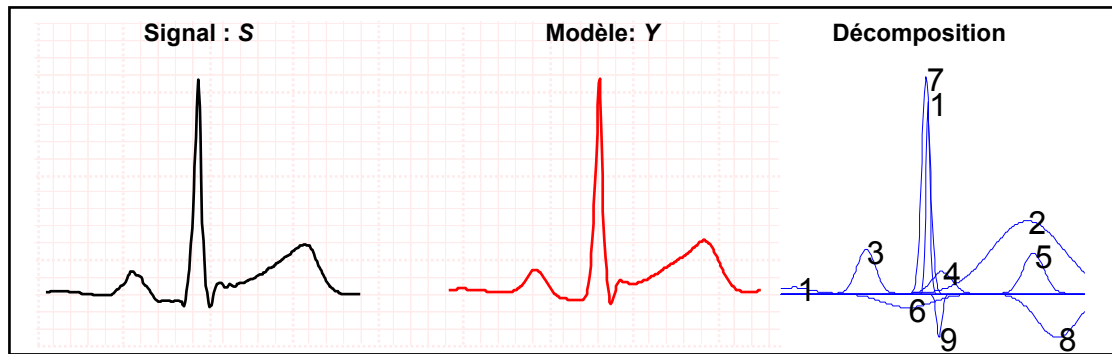


Figure 13 : Modèle obtenu par l'algorithme précédent avec $N=10$ gaussiennes. Ici le modèle est bon au sens de l'erreur quadratique moyenne, et les gaussiennes sont bien situées aux emplacements des ondes caractéristiques. Cependant, on continue à modéliser avec plusieurs gaussiennes une seule onde cardiaque.

Le modèle est un modèle satisfaisant au sens de l'erreur quadratique moyenne, qui est de l'ordre de $3 \cdot 10^{-5}$, et, contrairement au modèle précédent, les gaussiennes sont à présent bien situées, et, de plus, chacune participe à la modélisation d'une onde cardiaque caractéristique. Une décomposition proche de celle proposée ici est décrite dans [Suppappola, 1997], l'auteur qualifie son modèle de modèle « intuitif » de l'ECG. La recherche des gaussiennes utiles à la décomposition n'est cependant pas effectuée par l'algorithme proposé ci-dessus mais par des simples recherches de maxima. Les modèles proposés ici sont très proches de ceux obtenus par l'auteur. Les avantages et inconvénients sont identiques : on continue à modéliser une seule onde avec plusieurs gaussiennes. Par exemple, l'onde R est modélisée avec les gaussiennes 1 et 7, et l'onde T avec les gaussiennes 2, 5 et 8.

L'origine de ce problème réside dans le fait que nous utilisons comme fonction générique une gaussienne, qui est symétrique, alors que les ondes à modéliser sont souvent asymétriques ; il est donc normal d'avoir besoin de plusieurs gaussiennes.

Nous allons montrer que ce problème peut être résolu en remplaçant les gaussiennes par des fonctions appelées « bosses », où une telle asymétrie est paramétrée.

III Régression orthogonale directe généralisée par fonctions bosses

Nous reprenons ici l'algorithme précédent dans lequel les gaussiennes sont remplacées par des fonctions bosses.

III.1 Définition de la bosse

L'idée est donc de disposer d'une fonction paramétrée asymétrique pour modéliser les ondes cardiaques. La fonction que nous présentons ici est constituée de deux demi-gaussiennes reliées par une partie linéaire (Figure 14). Les paramètres de cette fonction sont :

μ : l'emplacement temporel de la fonction,

$^1\sigma$: l'écart type de la demi-gaussienne de gauche,

$^2\sigma$: l'écart type de la demi-gaussienne de droite,

$^L\sigma$: la longueur de la partie linéaire reliant les demi-gaussiennes,

A : l'amplitude de la fonction.

Son expression temporelle s'écrit, en fonction de ces paramètres, de la manière suivante :

$$B(t, \mu, ^1\sigma, ^2\sigma, ^L\sigma, A) = \begin{cases} A \exp\left(-\frac{1}{2}\left(\frac{t - (\mu - ^L\sigma/2)}{^1\sigma}\right)^2\right) & \text{si } t \leq \mu - ^L\sigma/2 \\ A & \text{si } \mu - ^L\sigma/2 < t < \mu + ^L\sigma/2 \\ A \exp\left(-\frac{1}{2}\left(\frac{t - (\mu + ^L\sigma/2)}{^2\sigma}\right)^2\right) & \text{si } t \geq \mu + ^L\sigma/2 \end{cases} \quad \text{Eq. 29}$$

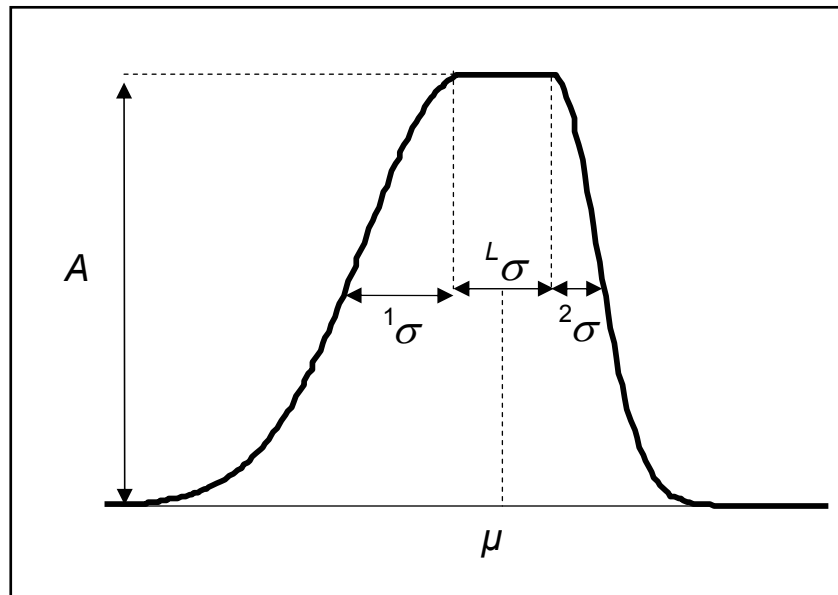


Figure 14 : La fonction bosse est une fonction asymétrique à 5 paramètres ; elle est constituée de deux demi-gaussiennes reliées par une partie linéaire. Elle est continue, et ses dérivées partielles par rapport à ses paramètres sont aussi continues, ce qui est une propriété nécessaire à l'application des algorithmes classiques d'optimisation.

En vue de réaliser l'ajustement de ses paramètres par les algorithmes classiques d'optimisation non linéaire, il est nécessaire que la fonction bosse possède des dérivées partielles continues en chacun des paramètres, ce qui impose les contraintes suivantes :

$${}^1\sigma > 0, {}^2\sigma > 0 \text{ et } {}^L\sigma \geq 0 \quad \text{Eq. 30}$$

Les bosses particulières pour lesquelles ${}^1\sigma = {}^2\sigma$ et ${}^L\sigma = 0$ sont des gaussiennes d'écart-type $\sigma = {}^1\sigma = {}^2\sigma$, et de paramètre μ identique à celui de la bosse.

Disposant d'une nouvelle fonction générique pour la décomposition, nous allons appliquer l'algorithme précédent pour la sélection et l'apprentissage.

III.2 L'algorithme GOFR

L'algorithme présenté précédemment au II.4 permet donc la sélection et l'adaptation de fonctions paramétrées d'une bibliothèque pour modéliser un signal \mathcal{S} , le préalable étant de construire une bibliothèque.

III.2.1 Bibliothèque de bosses

La bibliothèque utilisée est ici composée de bosses symétriques. Elle est, en réalité, identique à celle construite précédemment : les gaussiennes sont des bosses symétriques.

Elle est définie de la manière suivante :

$$B = \left\{ \begin{array}{l} \mathbf{B}(\mu, {}^1\sigma, {}^2\sigma, {}^L\sigma, 1) \\ \mu = j.n/2^k, {}^1\sigma = {}^2\sigma = n/2^{k-2}, {}^L\sigma = 0 \\ j \in [0, 2^k], k \in [1, K_{\max}] \end{array} \right\} \quad \text{Eq. 31}$$

où $\mathbf{B}(\mu, {}^1\sigma, {}^2\sigma, {}^L\sigma, 1)$ est la fonction bosse définie en équation 32, et K_{\max} est tel que le plus petit $\sigma = {}^1\sigma^{\min} = {}^2\sigma^{\min}$ corresponde à la largeur de la plus petite onde caractéristique de l'ECG (nous utilisons dans la pratique $\sigma = {}^1\sigma^{\min} = {}^2\sigma^{\min} = n/2^{K_{\max}-2} = 20$ ms).

III.2.2 Mise en œuvre de l'algorithme

L'algorithme utilisé ici est identique à celui qui a été présenté au II.4.1. Nous allons donc le présenter sous forme d'illustrations des étapes de modélisation du battement \mathbf{S} . Les étapes d'itérations et les équations précédentes étant écrites pour toute famille de régresseurs, elles conservent donc ici tout leur sens.

III.2.2.a Première itération

Au début de la décomposition, le signal est $\mathbf{S} = \mathbf{S}^1$, et la famille de régresseurs est $B = \mathbf{B}^1 = \{\mathbf{B}_i^1\}_{i=[1..N_b]}$, représentée sur la Figure 15.

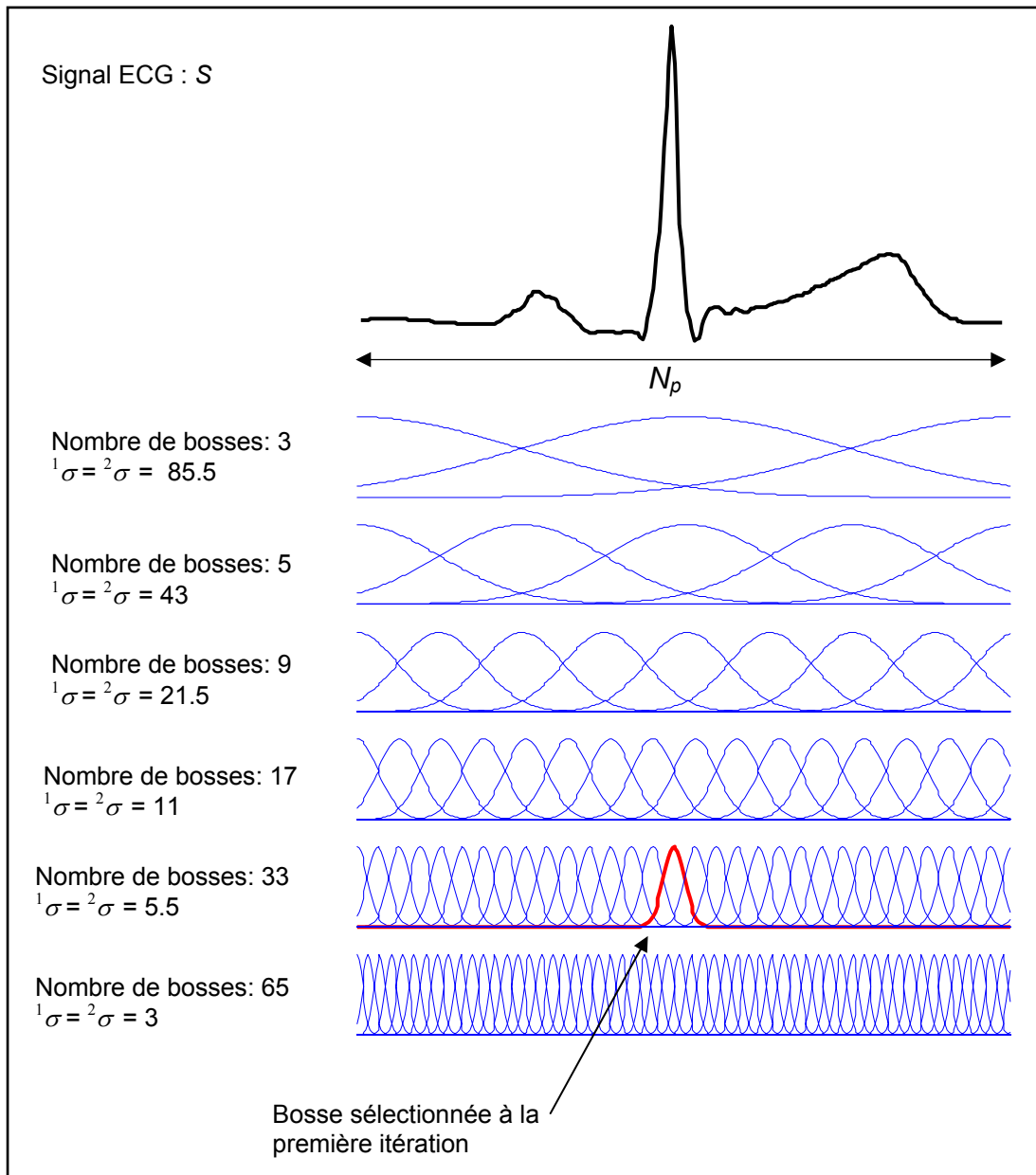


Figure 15 : Signal à modéliser et bibliothèque de bosses symétriques. Cette dernière est composée de 132 bosses pour $N_p=352$. La bosse sélectionnée à la première itération est la bosse numéro 50, représentée en gras sur la Figure.

- Sélection

La première bosse sélectionnée est celle d'indice m_1 tel que :

$$m_1 = \operatorname{argmax}_{k \in [1, N_b]} \left(\frac{\left| \langle \mathbf{S}^1 | \mathbf{B}_k^1 \rangle \right|}{\|\mathbf{S}^1\| \cdot \|\mathbf{B}_k^1\|} \right) \quad \text{Eq. 32}$$

Ici $m_1 = 50$; la bosse B_{50}^1 est représentée en gras sur les Figures 15 et 16.

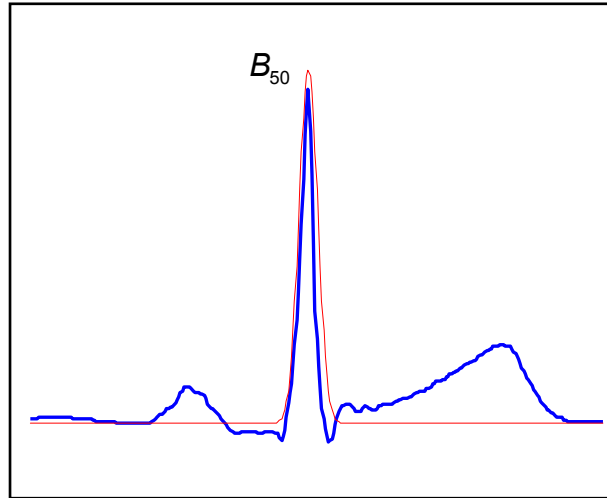


Figure 16 : La première bosse sélectionnée est la bosse numéro 50 de la bibliothèque. À la première itération c'est aussi la fonction de la bibliothèque la plus corrélée avec le signal S .

- Optimisation de la bosse B_{50}

On optimise les paramètres de la bosse $B_{50}(\mu_{50}, {}^1\sigma_{50}, {}^2\sigma_{50}, {}^L\sigma_{50}, A_{50})$ pour qu'elle représente au mieux le signal.

Au début de l'apprentissage, les paramètres sont :

$$\mu_{50} = 166, {}^1\sigma_{50} = {}^2\sigma_{50} = 5,5, {}^L\sigma_{50} = 0 \text{ et } A_{50} = 1.$$

L'optimisation porte sur ces paramètres, qui sont ajustés par minimisation de l'erreur de modélisation, notée E , qui, à la première itération, est le signal lui-même :

$$E^1 = S - 0 = S \quad \text{Eq. 33}$$

L'adaptation du régresseur B_{50} pour qu'il représente au mieux S (ou E^1) serait fondée sur une minimisation de la fonction de coût suivante :

$$J(\mu_{50}, {}^1\sigma_{50}, {}^2\sigma_{50}, {}^L\sigma_{50}, A_{50}) = \frac{1}{N_p} \sum_{k=1}^{N_p} (E^1(k) - B_{50}(k, \mu_{50}, {}^1\sigma_{50}, {}^2\sigma_{50}, {}^L\sigma_{50}, A_{50}))^2 \quad \text{Eq. 34}$$

Notre objectif étant de représenter au mieux la partie de S que B_{50} modélise déjà, on restreint l'intervalle d'apprentissage à la partie du signal où la fonction B_{50} est non nulle.

On définit donc l'intervalle $[\mu_{50} - 3 \sigma_{50}^1 ; \mu_{50} + 3 \sigma_{50}^2]$ en dehors duquel le signal à modéliser est considéré comme nul^{VI}.

On construit alors le signal ${}^{app}E^1$ (Figure 17) tel que :

$${}^{app}E^1(t) = \begin{cases} E^1(t) & \text{si } t \in [\mu_{50} - 3 \sigma_{50}^1 ; \mu_{50} + 3 \sigma_{50}^2] \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad \text{Eq. 35}$$

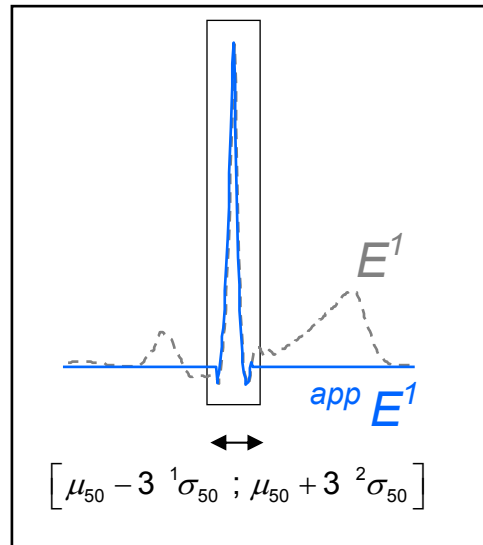


Figure 17 : L'apprentissage de la bosse est effectué pour la fonction temporelle ${}^{app}E^1(t)$ qui est localement égale à $E^1(t)$, mais qui est nulle loin de la bosse sélectionnée. Le principal avantage est de contraindre la bosse sélectionnée à s'adapter à la forme qui a permis sa sélection, et éviter ainsi qu'elle modélise une autre partie du signal.

La fonction de coût à optimiser devient alors :

$$J(\mu_{50}, \sigma_{50}^1, \sigma_{50}^2, \sigma_{50}^L, A_{50}) = \frac{1}{N_p} \sum_{k=1}^{N_p} \left({}^{app}E^1(k) - B_{50}(k, \mu_{50}, \sigma_{50}^1, \sigma_{50}^2, \sigma_{50}^L, A_{50}) \right)^2 \quad \text{Eq. 36}$$

^{VI} Notons que le fait d'imposer les valeurs nulles en dehors de l'intervalle $[\mu_{50} - 3 \sigma_{50}^1 ; \mu_{50} + 3 \sigma_{50}^2]$ procure un avantage supplémentaire : nous « forçons » la bosse à rester sur la ligne de base, et à ne pas modéliser la moyenne du signal.

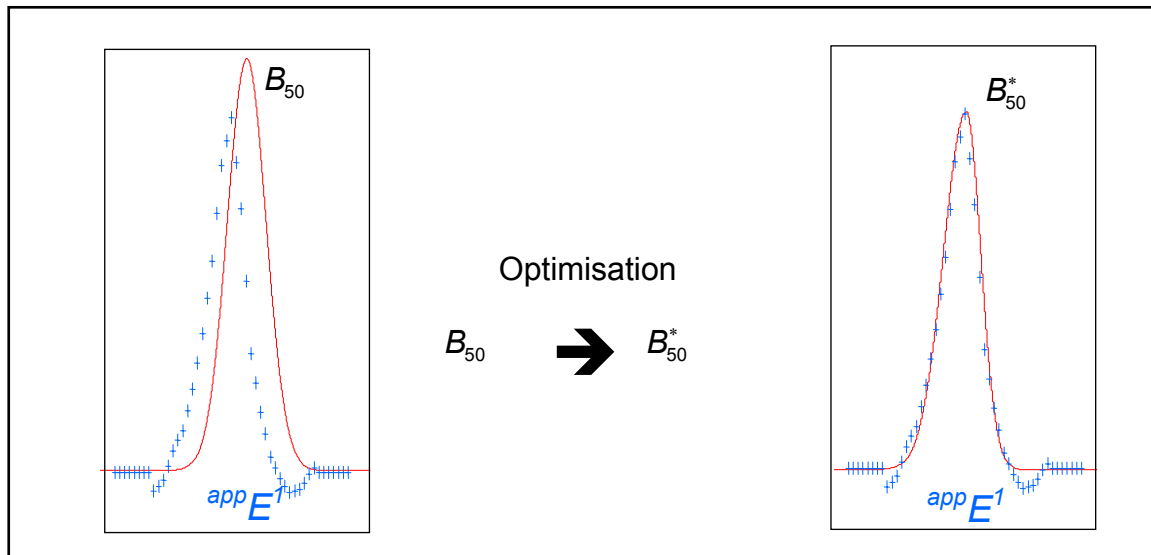


Figure 18 : Les points d'apprentissage pour adapter la bosse sont représentés en bleu. Les points à zéro, en dehors de l'intervalle $[\mu_{50} - 3 \sigma_{50} ; \mu_{50} + 3 \sigma_{50}]$ ne sont pas représentés sur cette figure. Après optimisation, la bosse B_{50}^* « colle » au signal d'apprentissage $app E^1$.

L'optimisation est réalisée par 40 pas de gradient simple [Minoux, 1983], et 60 pas de BFGS [Minoux, 1983]. Ces deux optimisations sont réalisées sous les contraintes présentées précédemment (Eq. 30) ; les algorithmes sont détaillés en Annexe B.

Les paramètres en fin d'optimisation de la bosse B_{50}^* sont :

$$\mu_{50}^* = 165,9 ; \sigma_{50}^{*1} = 4,6 ; \sigma_{50}^{*2} = 3,0 ; \sigma_{50}^{*L} = 0 \text{ et } A_{50}^* = 0,8.$$

- Orthogonalisation

La bosse B_{50} est remplacée dans la bibliothèque par la bosse B_{50}^* , et l'orthogonalisation du signal S^1 et du reste de la bibliothèque s'effectue par rapport à cette dernière, qui est considérée comme un vecteur B_{50}^{*1} .

On construit donc le signal S^2 et la famille de régresseur $\{B_i^2\}_{i=[1..N_b] \setminus \{50\}}$ dans l'orthogonal de B_{50}^{*1} d'après les équations 21 et 22.

L'erreur de modélisation à cette étape est :

$$E^2(t) = S(t) - B_{50}^*(t) \tag{Eq. 37}$$

et le modèle :

$$Y(t) = B_{50}^*(t) \quad \text{Eq. 38}$$

III.2.2.b Itérations suivantes et terminaison

On va ainsi sélectionner et apprendre six bosses ($N = 6$) ; ce choix est justifié par le nombre d'ondes caractéristiques cardiaques : 5 (P, Q, R, S et T), ce qui autorise un régresseur pour modéliser du bruit. Pour $N = 6$, le modèle comporte en tout 30 paramètres^{VII}.

Il s'écrit de la manière suivante :

$$Y(t) = \sum_{i=1}^N B_{m_i}^*(t) \quad \text{Eq. 39}$$

La Figure 19 représente le modèle obtenu et la décomposition.

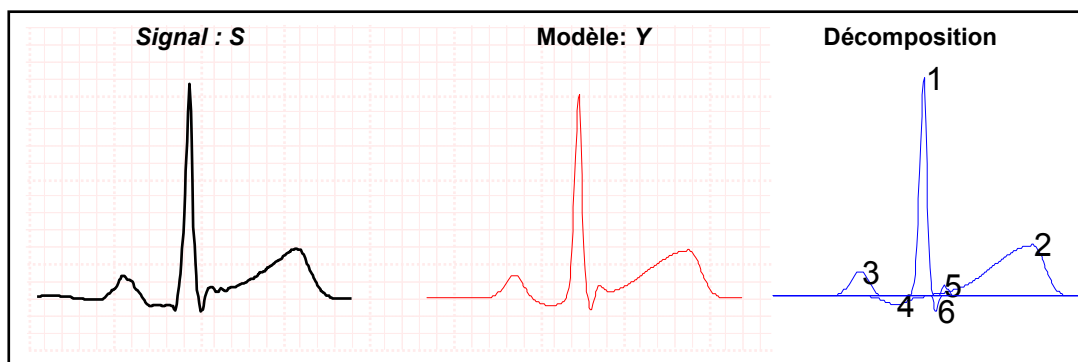


Figure 19 : Le modèle obtenu est très pertinent pour notre étude : chaque régresseur modélise une seule onde cardiaque, et toutes les ondes caractéristiques sont représentées.

Ce modèle est légèrement moins bon au sens de l'erreur quadratique moyenne que le modèle RBF (erreur de l'ordre de 10^{-4}) ; cependant, il est bien plus pertinent pour notre étude. En effet, pour ce battement, *chaque onde caractéristique est modélisée par un unique régresseur*, et 5 des 6 régresseurs modélisent effectivement une onde caractéristique.

Ce type de modèle est tout à fait approprié pour faciliter l'étape suivante, qui consiste en l'étiquetage des ondes.

^{VII} Ce qui justifie a posteriori le choix de retenir 10 gaussiennes (fonctions à 3 paramètres) ou 10 ondelettes (fonctions également à 3 paramètres) dans les modélisations précédentes, de façon à comparer des modèles qui possèdent tous 30 paramètres.

III.3 Résultats de l'algorithme

Il est difficile de présenter des résultats d'ensemble pour cet algorithme de modélisation car le critère de « bonne modélisation » du battement cardiaque est qualitatif. Nous présentons donc ici des exemples de modélisations pour en illustrer la qualité ; les limites de la modélisation apparaîtront d'elles-mêmes dans le chapitre consacré à l'étiquetage. Nous justifions cependant ici l'importance d'une bonne détection de la ligne de base pour la qualité de la modélisation en bosse.

III.3.1 Battements normaux

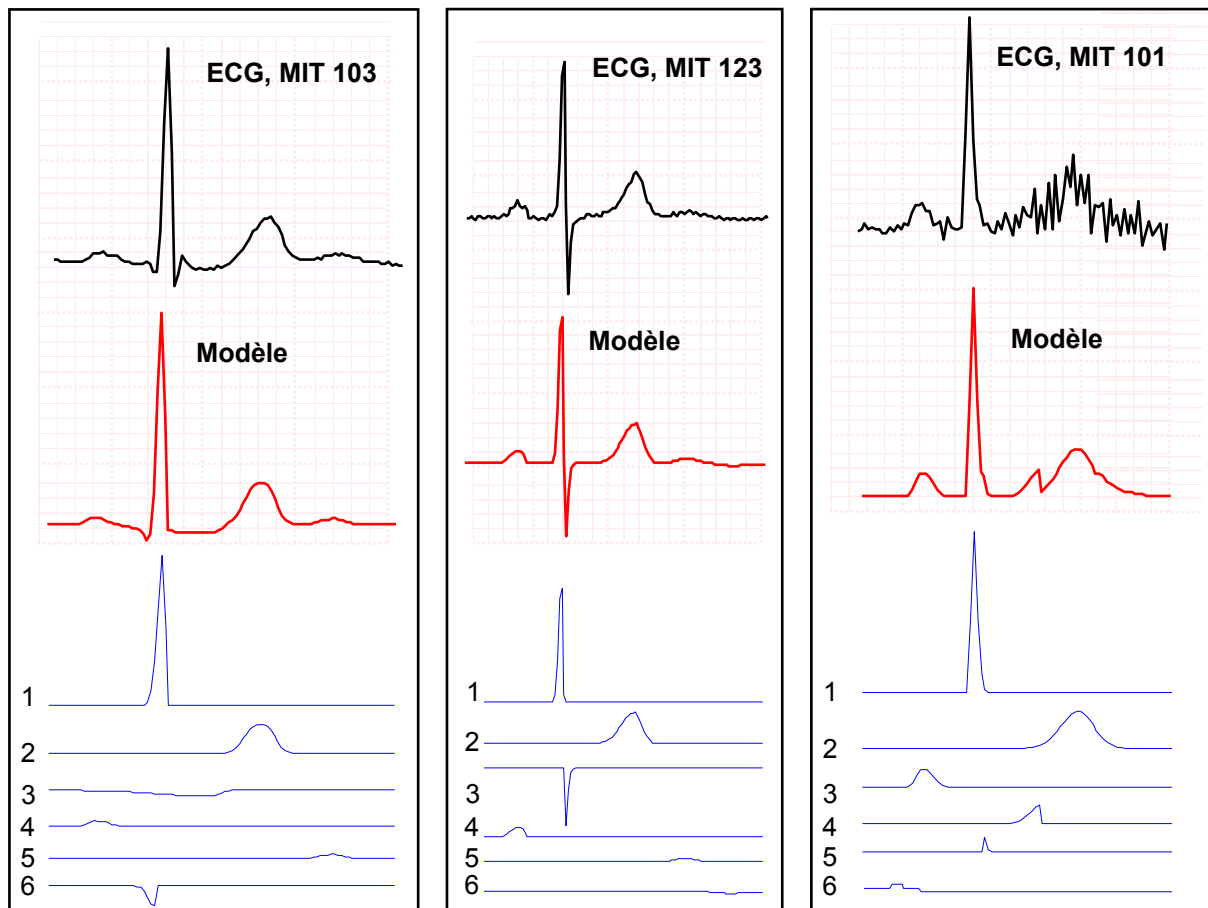


Figure 20 : 3 modélisations de battements normaux choisis dans la base MIT. Le premier ressemble au battement modélisé au paragraphe précédent ; le second est un battement biphasique, dont les ondes R et S sont quasiment de même amplitude ; le troisième est très bruité sur l'onde T par du bruit de haute fréquence. On note ici que pour chacun de ces battements, chaque onde cardiaque est modélisée par un régresseur au moins et l'essentiel du tracé est conservé.

III.3.2 Battements pathologiques

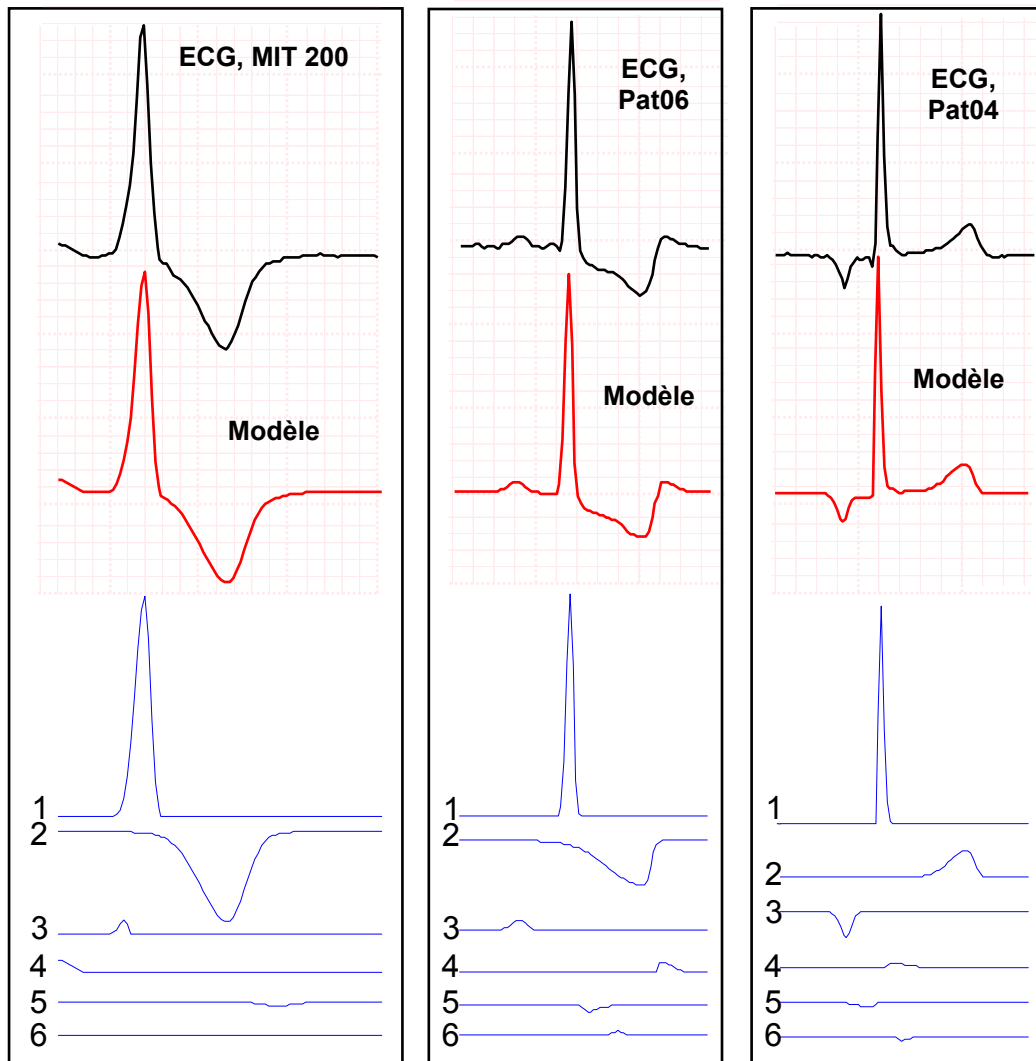


Figure 21: Le premier battement modélisé ici est une extrasystole ventriculaire ; les bosses sélectionnées par l'algorithme correspondent aux différentes ondes cardiaques. Ce type de battement ne comporte que deux ondes d'intérêt. Le deuxième battement présente une anomalie au niveau de l'intervalle entre l'onde S et l'onde T, qui est anormalement décalé vers le bas. Cette anomalie est modélisée ici par une bosse spécifique ce qui permettra son identification ultérieure. Le troisième battement est issu d'un foyer ectopique auriculaire : on remarque en effet que l'onde P est inversée par rapport à un battement normal. Ici encore, cette anomalie est modélisée par une bosse spécifique.

III.3.3 Importance de la ligne de base

Notre objectif, fixé au paragraphe I.2, était d'obtenir une bijection entre les régresseurs utilisés pour modéliser un battement et les ondes caractéristiques de celui-ci. Nous avons vu que l'algorithme développé construit des modèles où cette bi-univocité est quasiment respectée.

La bonne estimation de la ligne de base, par la méthode décrite dans le chapitre 4, est un facteur important pour l'obtention de cette décomposition pertinente. En effet, l'algorithme décompose l'ECG en bosses et en creux (fonctions bosses positives et négatives), à partir d'une ligne de référence. Les cardiologues utilisent la ligne isoélectrique du cœur, pour définir les creux et les bosses, qui possèdent ainsi une signification physiologique : onde P, Q, R S et T.

Les exemples de modélisation présentés Figure 20 et 21 aboutissent à l'objectif recherché car la ligne de base est alignée sur la ligne isoélectrique du cœur : elle est identique à celle qui est utilisée par le cardiologue.

Supposons maintenant que cette ligne soit mal définie, comme indiqué sur la Figure 22 : la première bosse sélectionnée est différente de celle sélectionnée précédemment, cette bosse n'a plus de signification pour notre analyse, et la modélisation qui va suivre ne sera pas de bonne qualité.

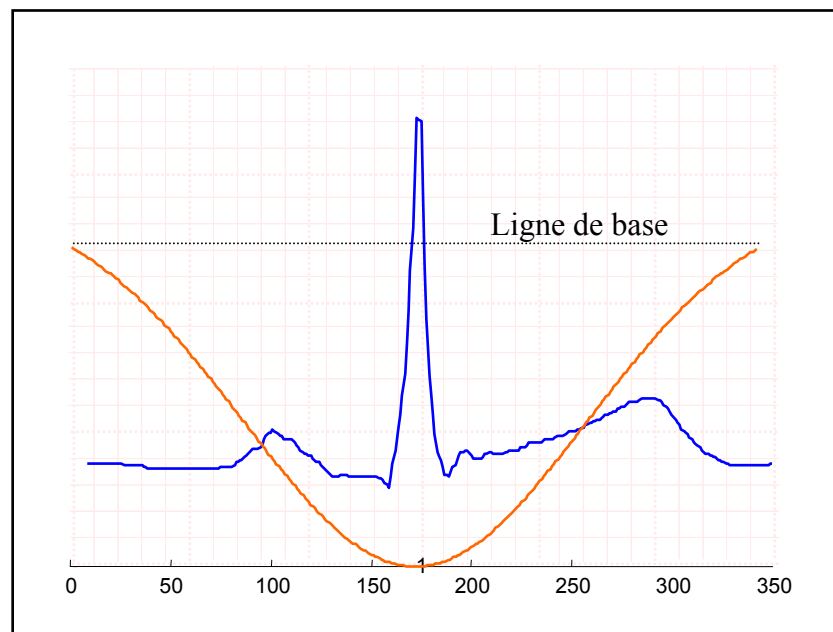


Figure 22 : Comme la ligne de base est particulièrement mal estimée dans ce cas, et que la sélection du régresseur de la bibliothèque se fait implicitement par rapport à cette ligne, le premier régresseur ne représente aucune onde caractéristique, et modélise simplement la moyenne du signal.

L'explication peut aussi être donnée dans la représentation vectorielle de dimension N_p (Figure 23). Désignons comme précédemment par \mathbf{S}^1 le vecteur à modéliser et par $\{\mathbf{B}_i^1\}_{i=[1..N_b]}$ les bosses de la bibliothèque : changer la ligne de base revient à ajouter un vecteur \mathbf{L}_B à \mathbf{S}^1 , et donc à changer les produits scalaires entre le signal et les régresseurs, ce qui modifie donc l'ordre de sélection.

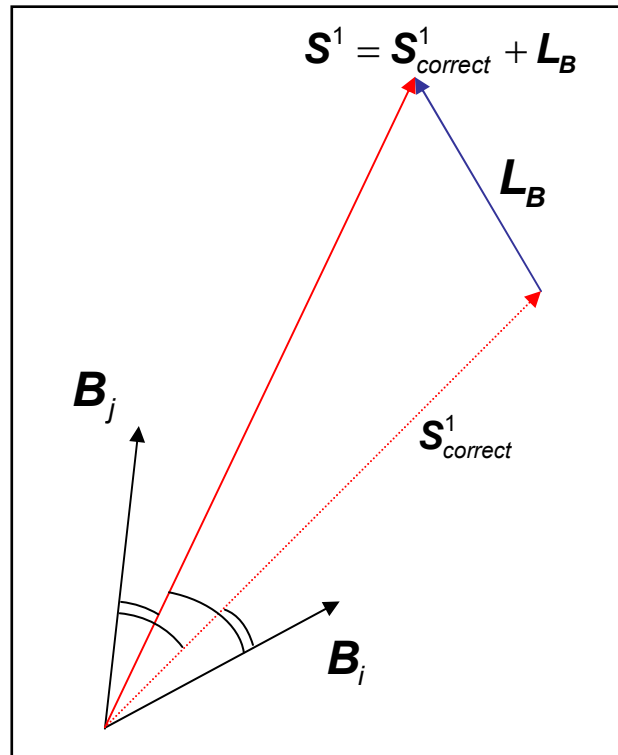


Figure 23 : Une mauvaise estimation de la ligne de base peut s'interpréter dans la représentation vectorielle par l'ajout d'un vecteur \mathbf{L}_B au vecteur $\mathbf{S}^1_{correct}$ représentant le battement pour lequel la ligne de base est correctement estimée. Dans ce cas, les produits scalaires entre \mathbf{S}^1 et les $\{\mathbf{B}_i^1\}_{i=[1..N_b]}$ sont changés, et les régresseurs sélectionnés ne répondent plus à notre objectif. Cet exemple illustre bien, *a posteriori*, l'importance d'une bonne estimation de la ligne de base.

En revanche, quand la ligne de base n'est « pas trop » éloignée de la ligne isoélectrique du cœur, la modélisation compense l'erreur grâce à une bosse, très large, qui fait office de biais.

Le fait que la ligne de base soit un facteur important dans le succès de la modélisation justifie *a posteriori* le temps de calcul qui lui est consacré dans le traitement d'un enregistrement.

Résumé :

Nous avons présenté dans ce chapitre une décomposition mathématique des battements cardiaques sur une famille de régresseurs spécifiques appelés « bosses ».

La bosse est une fonction de 5 paramètres ajustables, qui, contrairement aux régresseurs classiquement utilisés en modélisation (ondelettes, RBF, ...), est construite de manière à « ressembler » au mieux aux ondes caractéristiques du battement cardiaque.

Cette fonction spécifique, associée à un algorithme de décomposition efficace, permet d'associer à chaque onde caractéristique du battement (P, Q, R, S et T) un (ou parfois deux) régresseurs, auquel sera attribuée ensuite une étiquette « médicale ».

La modélisation d'un battement en N bosses nécessite d'effectuer N fois les trois étapes suivantes :

- la sélection d'une bosse dans une bibliothèque préalablement construite,
- l'adaptation des paramètres de la bosse par une optimisation non linéaire sous contraintes pour l'ajuster au mieux au battement cardiaque,
- l'orthogonalisation du reste de la bibliothèque et du signal par rapport à ce régresseur ajusté.

L'efficacité de cette méthode, testée sur les bases de données classiques de l'électrocardiographie, sera démontrée, dans la suite du mémoire, dans le chapitre consacré à l'étiquetage des ondes.

Par ailleurs, la méthode de *sélection adaptative* (GOFR) présentée ici constitue un outil qui convient bien à un traitement du signal fondé sur une approche *cognitive*, dans la mesure où il permet une utilisation performante de régresseurs spécifiques du problème considéré.

Ce chapitre présente la méthode adoptée pour rassembler en une même « famille » les battements cardiaques dont le tracé ECG est de même nature, et distinguer ainsi plusieurs familles^I de battements.

I Motivations et objectifs

Dans ce chapitre, nous abordons le problème de la reconnaissance des battements cardiaques, en séparant les battements d'origine supraventriculaire des battements d'origine ventriculaire. Pour réaliser une telle séparation, nous pourrions modéliser un à un les battements à l'aide des bosses présentées dans le chapitre précédent, puis analyser la position et la forme des bosses caractéristiques. Bien que la décomposition en bosses d'un battement soit obtenue par une procédure de calcul rapide (moins de 500ms sous Matlab), le nombre total de battements d'un enregistrement Holter est tel (plus de 100 000 battements) que le temps de calcul d'un modèle pour chaque battement est beaucoup trop important^{II}. De plus les battements normaux (qui sont, en général, très largement les plus fréquents) sont très semblables, voire quasi identiques, ce qui rend inutile la modélisation de chacun d'eux.

Cette remarque nous a amené à effectuer une agrégation des battements *préalable* à la modélisation en bosses. Cette opération a pour objectif de regrouper entre eux les battements de même nature ; en particulier, nous regrouperons les battements d'origine supraventriculaire^{III} entre eux, ceux de type extrasystole ventriculaire entre eux (en distinguant les extrasystoles de foyers ectopiques distincts), les battements anormalement larges (de type bloc de branche), etc... qui formeront ainsi autant de familles que nécessaire.

^I Les termes « famille » et « classe » seront indifféremment utilisés dans la suite pour exprimer l'ensemble regroupant les battements de même nature. Le terme « classe » étant celui couramment utilisé en classification et le terme « famille » étant le terme consacré en cardiologie.

^{II} Ce qui correspond à environ 13mn sous Matlab pour les 100 000 battements pour cette seule partie de l'analyse. Une autre solution plus efficace pourrait être de ne modéliser *que* l'onde R. Ce n'est pas la solution que nous avons retenue ici.

^{III} On verra que le regroupement en familles permet de distinguer les familles de battements dont le foyer initiateur est le sinus de celles dont le foyer est soit auriculaire autre que le sinus, soit nodal.

On peut alors se contenter de ne modéliser en bosses qu'un seul représentant par famille, et l'analyse des bosses obtenues permet d'obtenir des informations valables pour tous les battements appartenant à cette famille.

La méthode de regroupement en familles retenue ici est du type *classification non supervisée*, c'est-à-dire que l'on ne dispose pas d'une base de référence étiquetée pour effectuer un apprentissage ; de plus, cette classification se fera sans connaissance a priori du nombre de classes : les classes se créent au fur et à mesure de la procédure de classification.

De nombreux algorithmes permettent de traiter ce type de problème et conduisent à de bons résultats ; c'est le cas notamment des algorithmes de quantification vectorielle comme celui des K-moyennes, de classification hiérarchique, et des cartes auto organisatrices par exemple. Ces trois algorithmes sont présentés au paragraphe suivant mais nous verrons en quoi ils ne sont pas adaptés à notre problème. Nous avons donc développé un classifieur ad hoc présenté dans la suite.

II Présentation d'algorithmes existants

II.1.1 L'algorithme des K-moyennes

L'algorithme des K-moyennes est un algorithme classique de quantification vectorielle. Son principe est le suivant [Dreyfus, 2002] : on dispose de points de l'espace des observations que l'on souhaite rassembler en classes, sans que l'on dispose de connaissance a priori de propriété(s) particulière(s) sur ces classes ; seul leur nombre p est fixé a priori.

L'algorithme des K-moyennes est itératif ; chaque itération est composée de deux étapes :

- Recherche, pour chaque point d'observation, de son meilleur représentant parmi p référents, où chaque référent représente une classe ;
- Optimisation de chacun de ces référents pour qu'ils représentent au mieux les points d'observations en p classes.

Il existe une preuve de convergence pour cet algorithme. Trois inconvénients ne nous permettent pas de l'utiliser. Le premier est qu'il est nécessaire de connaître le nombre de classes avant de commencer la classification. Or, dans notre cas, nous ne savons pas quel nombre de types de battements différents nous rencontrerons dans un ECG donné. Cependant ce problème pourrait être résolu en imaginant une classification en deux classes : 1)

battements d'origine supraventriculaire et 2) battements d'origine ventriculaire. Un deuxième inconvénient est la grande sensibilité aux conditions initiales, qui se traduit ici par le choix des p référents initiaux. En effet, s'ils sont choisis de manière aléatoire, la convergence de l'algorithme vers un minimum « satisfaisant » n'est pas assurée, ce qui impose, dans la pratique, de multiplier les initialisations, et augmente d'autant le temps de calcul. Enfin l'inconvénient majeur de cette méthode est le suivant : en étudiant l'interprétation probabiliste de cet algorithme, on constate qu'il suppose que les classes suivent des lois de distribution normales réduites, autrement dit, avec la même importance dans toutes les directions de l'espace. Pour nous, les directions de cette espace représentent des grandeurs très différentes, difficilement comparables entre elles comme nous le verrons par la suite (intervalle RR du battement avec le suivant, angle que forme l'axe principal du battement avec une des voies d'enregistrement, produit des valeurs propres issues de l'analyse en composantes principales, etc.).

II.1.2 Classification hiérarchique

La classification hiérarchique [Everitt, 1974] constitue une autre approche de la classification non supervisée. Elle consiste à calculer une matrice exprimant les distances mutuelles entre les points à classer, puis, en se fondant sur cette matrice, à regrouper entre eux les points les plus proches. Cette méthode permet la construction d'un arbre hiérarchique, qui révèle plusieurs partitions possibles, où chaque point est attribué à l'un des groupes d'une partition donnée. Le choix de la meilleure partition s'effectue une fois la classification hiérarchique terminée ; elle peut être fondé sur différents critères, l'un des plus classiques étant lié à la mesure de l'inertie intergroupe [Thorndike, 1953].

L'avantage de cette méthode est qu'elle n'est soumise à aucune initialisation particulière de paramètre(s) ce qui la rend déterministe, et en outre, que le nombre de classe n'a pas à être fixé a priori. Cependant, ce type de méthode impose le calcul de la matrice des distances de tous les points d'observation avec tous les autres, et cette masse de calculs est beaucoup trop importante compte tenu du temps que nous voulons consacrer à cette étape.

II.1.3 Cartes auto organisatrices

La méthode des cartes auto organisatrices, développée par T. Kohonen au début des années 1980 [Kohonen, 1984], constitue un compromis entre les deux algorithmes précédents. Cette méthode est plus robuste aux conditions initiales que ne l'est l'algorithme des K-moyennes ; elle ne suppose pas que les directions de l'espace des observations ont la même importance (lois normales réduites pour chacune des classes), et ne nécessite pas la définition a priori du nombre de classes. Elle consiste à représenter, dans un espace de faible dimension (1, 2 ou 3) appelé « carte » des référents ; ces derniers ne sont pas ici des représentants de classes, mais constituent un petit nombre de points abstraits de l'espace des observations. La propriété essentielle des cartes de Kohonen réside dans le fait que la topologie de l'espace initial est conservée dans cette projection dans un espace de faible dimension. Un algorithme itératif, proche de celui des K-moyennes, permet d'aboutir à une distribution des référents sur la carte qui constitue une caricature à faible dimension de l'ensemble des points d'observation. On fait généralement suivre la construction de cette carte par une classification hiérarchique sur les référents.

Deux inconvénients apparaissent ici : le temps de calcul associé aux itérations qui permettent la construction de la carte est important, et surtout, ce type de méthode statistique n'est pas adapté à notre classification. En effet, comme nous le verrons par la suite, nous serons amenés à classer des paquets de 1200 battements en au moins deux groupes qui seront respectivement identifiés comme les battements d'origine supraventriculaire et les battements d'origine ventriculaire. Chez les patients en bonne santé, un grand déséquilibre entre les cardinaux de ces classes est généralement observé : typiquement un patient peut présenter un unique battement ventriculaire pour 1200 battements normaux. Ce type de déséquilibre est mal géré par les méthodes statistiques qui auront tendance à « considérer » ce battement différent comme une réalisation peu probable de loi de probabilité associée à la classe des battements normaux, plutôt que comme le représentant d'une classe à part entière constituée d'un unique élément.

Ces méthodes étant peu adaptées à notre problème, nous avons été amenés à développer un algorithme simple, donc rapide, et bien adapté à la classification qui nous intéresse. Cet algorithme est présenté dans la section suivante.

III Principe général de l'algorithme

Dans un premier temps, on sépare les battements de l'ECG en trois groupes, en fonction du nombre de voies utilisées lors du calcul en composantes principales : rappelons que le critère de choix du nombre de voies pour le calcul de la voie principale est fondé sur les niveaux de bruits de haute et basse fréquences qui affectent ces voies. On effectue ainsi trois classifications différentes : une pour les battements issus d'une voie principale calculée à partir de 3 voies, une pour ceux qui sont calculés sur 2 voies, et une pour les battements qui ne sont pas exprimés sur une voie principale car seule une voie est valide. Les trois algorithmes sont très proches, mais n'utilisent pas tout à fait les mêmes paramètres, comme nous le verrons dans la suite.

Ainsi on initie l'algorithme en attribuant le premier battement à une famille, qui devient référence pour tout battement construit à partir du même nombre de voies que ce premier battement ; un battement issu d'un nombre différent de voies que ce premier battement conduit à la création d'une nouvelle famille, qui devient lui aussi référence pour ce nombre de voies.

Les battements sont alors traités un à un, dans l'ordre de leur apparition temporelle. Pour un battement donné, si celui-ci a des paramètres proches de ceux d'une famille existante, il est associé à cette famille ; sinon, l'algorithme crée une nouvelle famille qui deviendra référence pour tous les battements à même nombre de voies.

III.1 Caractérisation d'une famille

Chaque famille est caractérisée par:

- le modèle en bosses du battement qui lui a donné naissance : ce modèle sera appelé *prototype* de la famille^{IV},
- des paramètres qui sont *fixés* au moment de la création de la famille,
- d'autres paramètres qui sont *réestimés* chaque fois qu'un battement est ajouté à la famille.

^{IV} On remarque ici que l'on modélise le premier battement à l'origine de la famille, qui n'est pas forcément le battement le plus représentatif de cette famille ce point pourrait constituer une évolution éventuelle de l'algorithme.

III.1.1 Le prototype

Le prototype de la famille est construit à partir du premier battement qui a donné naissance à celle-ci. On applique à ce battement, exprimé sur sa voie principale (donc sur une piste unique), l'algorithme de décomposition en bosses présenté dans le chapitre précédent ; à l'issue de cet algorithme, on obtient un modèle analytique du battement sous la forme d'une somme de 6 bosses (Figure 1) : ce modèle est le *prototype* de la famille.

Chaque battement ultérieur est comparé, par un calcul convenable, au prototype de chaque famille déjà créée, ce qui fournit un critère de décision permettant d'associer ce battement à une des familles, ou de créer une nouvelle famille pour laquelle le modèle de ce battement devient le prototype.

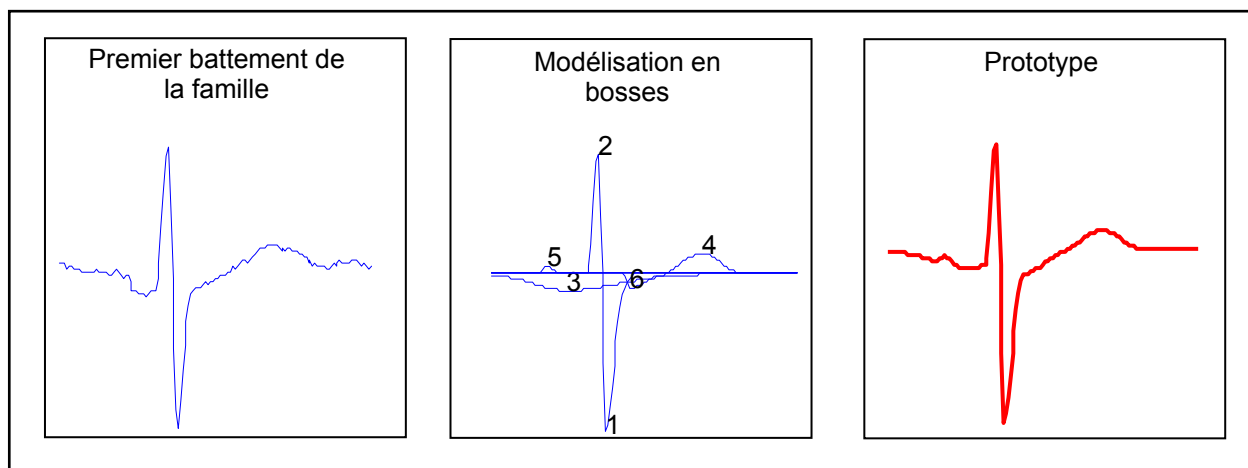


Figure 1 : A la création d'une nouvelle famille, on construit le prototype de la famille par une modélisation en 6 bosses du battement qui lui a donné naissance.

III.1.2 Paramètres fixes

En plus du prototype, des descripteurs permettent de caractériser la famille. Les premiers descripteurs présentés ici sont fixés à la création de la famille, et restent fixes tout au long de l'analyse.

III.1.2.a Rapport des intervalles RR

Appelons RRs la distance entre l'onde R du battement qui engendre la famille et l'onde R du battement suivant, et appelons RRp la distance entre l'onde R du battement qui engendre la famille et l'onde R du battement précédent (Figure 2). Le rapport RRs/RRp est un paramètre qui caractérise la famille. Dans le cas d'un rythme régulier, ce rapport est voisin de 1, mais il peut largement dépasser cette valeur dans le cas d'extrasystole avec repos compensatoire (cf. Chapitre 2). La valeur de ce rapport est fixée à la création de la famille.

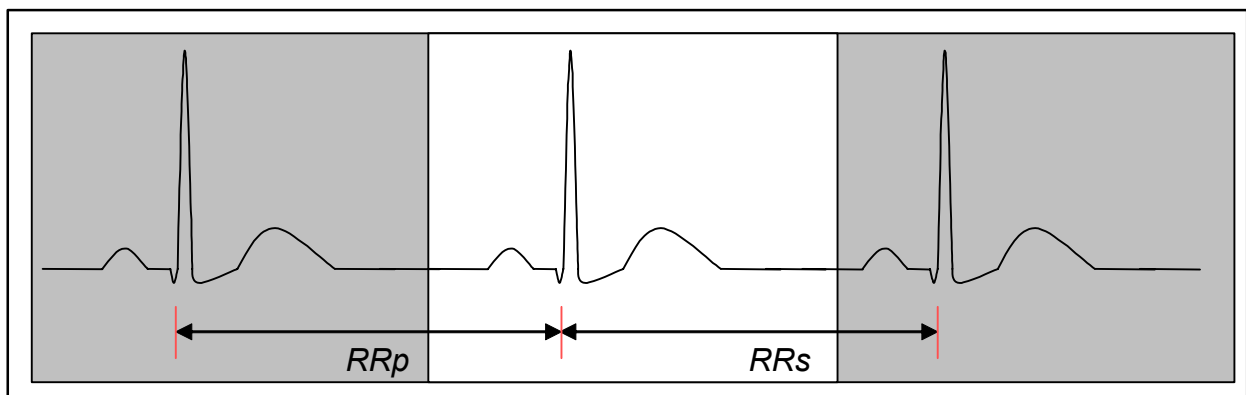


Figure 2 : Le rapport de RRs/RRp caractérise la famille. Sa valeur est fixée à la création de celle-ci, et reste fixe tout au long de l'analyse.

L'avantage d'utiliser le rapport RRs/RRp plutôt que l'une ou l'autre des distances qui le définissent est qu'il est *indépendant de la fréquence cardiaque* : ainsi, sa valeur pour un battement normal d'un rythme rapide sera très voisine de celle d'un battement normal d'un rythme lent par exemple, et ce paramètre ne sera alors pas éliminatoire pour le regroupement de battements provenant d'épisodes d'activité cardiaque où seule la fréquence diffère.

III.1.2.b Intervalles RR avec le battement suivant (RRs)

L'étude de différentes bases de données nous a permis de mettre en évidence le fait que *la distance RRs* était un élément parfois utile à la caractérisation de la famille, afin d'éviter des erreurs de classification notamment en présence d'extrasystoles ventriculaires à complexes peu élargis et interpolées : c'est-à-dire des battements ventriculaire qui s'inscrivent dans un rythme régulier pour lequel le rapport précédent vaut 1. Cette distance constitue donc

également un paramètre caractéristique de la famille. L'utilisation de cette grandeur RRs et la précédente (le rapport RRs/RRp) est plus pertinente que l'utilisation séparée des deux grandeurs RRs et RRp car dans ce dernier cas, lors d'accélération du rythme, les deux paramètres (RRs et RRp) sont différents d'un battement à l'autre ce qui conduirait à la création d'une famille supplémentaire et nous ne le souhaitons pas, alors qu'avec les paramètres retenues (RRs et RRs/RRp) seule RRs est différent et ça ne suffit pas, en général, à créer une nouvelle famille comme nous le verrons dans la suite.

III.1.2.c Amplitude du battement initial

Depuis l'étape de segmentation de l'ECG en fenêtres, l'amplitude maximale des battements est normalisée à 1, c'est-à-dire que les complexes ont tous une dynamique de 1, quelle que soit leur taille originale. Pour éviter de confondre des battements de tailles trop différentes, les amplitudes de chacune des voies valides sont retenues comme descripteurs de la famille^V.

III.1.3 Paramètres réestimés

En plus des paramètres fixes, on caractérise les familles avec des *paramètres qui sont réestimés dès qu'un battement est ajouté à la famille*. Ces paramètres subissent en général une légère dérive due notamment à des changements de position du patient, qui, sur de longues durées, peuvent être importantes. De plus, l'amplitude de variation de ces paramètres dépend fortement du patient; ainsi, une procédure de réestimation lors de l'ajout de chaque nouveau battement permet d'une part de suivre une éventuelle dérive temporelle, et, d'autre part, de *s'adapter spécifiquement au patient*.

III.1.3.a L'axe principal

Comme nous l'avons indiqué précédemment, l'axe principal issu de l'analyse en composantes principales est un paramètre particulièrement important pour la caractérisation de la famille : il est parfois un des seuls paramètres qui permette la distinction entre un battement normal et

^V On note ici que deux battements bi-phasiques très proches peuvent être à l'origine de la création de deux familles différentes.

un battement anormal (chapitre 5). Les informations de l'axe principal sont caractérisées par les deux groupes de valeurs suivantes :

- La moyenne des angles ACP sur les vingt derniers battements^{VI} inclus dans la famille. Dans le cas d'un enregistrement à 2 voies, il s'agit donc de l'angle θ défini précédemment (cf. chapitre 5.IV Résultats de l'analyse en composantes principales) entre l'axe principal issu de l'analyse en composantes principales et un axe fixe (Figure 3). Pour les enregistrements sur 3 voies, c'est le couple formé par l'angle θ et l'angle φ provenant des coordonnées sphériques de l'axe principal qui est retenu. Dans le cas d'un enregistrement n'ayant qu'une seule voie, cette notion d'angle ACP n'a pas de signification : ce paramètre n'est donc pas considéré.
- L'écart type de la distribution de l'angle θ dans le cas de 2 voies, ou la matrice de covariance 2x2 (pour les angles θ et φ) pour les enregistrements 3 voies, ces deux grandeurs traduisant la distribution des valeurs autour de la valeur moyenne.

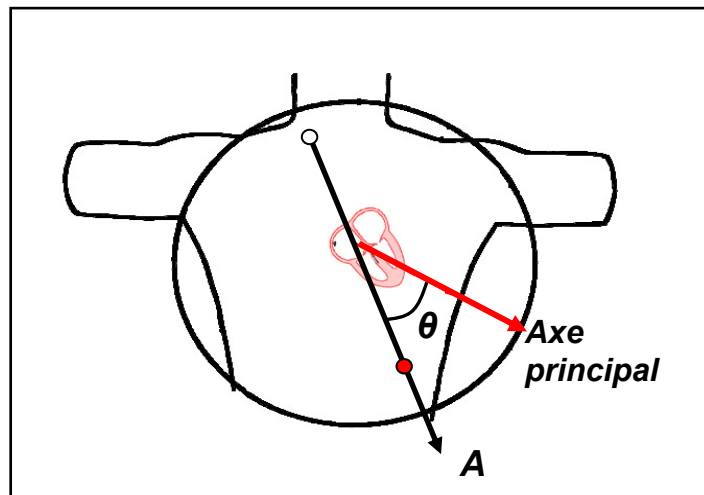


Figure 3 : l'angle θ correspond à l'angle que forme l'axe principal cardiaque repéré par la méthode d'analyse en composantes principales détaillée au chapitre 5 et un axe fixe, ici l'axe formé par la première voie d'enregistrement A. Dans le cas d'un repérage en trois dimensions de l'axe principal, il est repéré par ses coordonnées sphériques (angle θ et φ) qu'il forme avec ce même axe fixe.

Le calcul de l'écart-type de la distribution (ou de la matrice de covariance) est imposé par la nécessité de s'adapter au patient ; en effet, certains patients présentent des variations d'angles de quelques centièmes de radians entre deux battements normaux alors que cette variation

^{VI} Lorsque la famille n'est pas suffisamment importante (moins de 20 éléments) l'ensemble des battements la constituant est utilisé pour l'estimation des paramètres.

atteint plusieurs dixièmes chez d'autres. L'écart-type (ou la matrice de covariance) permettra de calculer, pour la classification d'un battement, des distances de Mahalanobis [Everitt, 1974] (c'est-à-dire des distances *normalisées par l'écart type* de la famille) plutôt que des distances euclidiennes.

III.1.3.b Le produit des deux premières valeurs propres de la matrice de covariance

Le produit des deux plus grandes valeurs propres de la matrice de covariance présentée pour l'analyse en composantes principales (cf. Chapitre 5, eq. 2) constitue un troisième paramètre pertinent pour la classification des battements en familles. Ce produit est une caractéristique de la forme du vectocardiogramme. Rappelons que les valeurs propres de la matrice de covariance correspondent aux longueurs des axes principaux du vectocardiogramme : *le produit des deux valeurs propres est donc proportionnel à la surface de la courbe.*

De même que pour l'axe principal, nous disposons de deux types de valeurs pour caractériser le produit des deux premières valeurs propres : sa valeur moyenne, qui est recalculée sur les 20 derniers battements de la famille, et son écart-type. Mais, contrairement au cas précédent, on peut éviter la réestimation systématique de l'écart-type. En effet, contrairement à l'écart-type associé à l'axe principal, qui varie en fonction de la position du patient, donc au cours de l'enregistrement, la variation du produit des deux premières valeurs propres est dominée par des caractéristiques physiologiques inhérentes au patient et au positionnement des électrodes. On calcule donc cet écart-type dès le début de l'algorithme, sur l'ensemble des battements de l'ECG.

Ainsi chaque famille créée est définie par 5 paramètres et un prototype continu. Chaque nouveau battement est alors analysé ; il est soit associé à une famille existante, soit à l'origine d'une nouvelle famille.

III.2 Principe de la classification non supervisée

Comme nous l'avons indiqué plus haut, les battements sont traités un à un dans l'ordre de leur apparition temporelle. On remarque que, au cours du temps, pour un même type de battement, l'axe principal change légèrement de direction, notamment à cause des changements de position du patient, et des mouvements de la cage thoracique pendant la respiration : ainsi, on peut observer que, à un instant donné, l'axe principal d'un battement normal coïncide avec un axe principal d'un battement anormal (typiquement une extrasystole ventriculaire) enregistré peu de temps auparavant, alors que le patient adoptait vraisemblablement une autre position. Or l'adaptation de certains paramètres ne permet pas, à elle seule, d'éviter le regroupement de battements qui doivent être séparés ; on complète donc cette approche adaptative en y ajoutant une découpe de l'ECG en *séries* de 1200 battements ce qui correspond environ à 20 mm d'ECG ; on redéfinit donc les familles tous les 1200 battements. Le regroupement des familles considérées comme identiques des séries temporelles successives n'est effectué qu'une fois que ces familles ont été identifiées, c'est-à-dire une fois que les ondes de leurs prototypes respectifs ont été étiquetées^{VII}.

Pour chaque série de 1200 battements, la classification s'effectue schématiquement de la manière suivante : pour un battement donné, on calcule une *distance globale* entre le battement et chaque famille déjà créée dans la série ; cette distance, qui sera définie plus précisément dans le paragraphe suivant, est une *combinaison linéaire des distances sur les différents paramètres caractéristiques et d'une valeur de « ressemblance » de l'onde R à celle des battements de la famille calculée en référence à son prototype*. La famille qui représente au mieux le battement est celle pour laquelle la distance est la plus faible. Dans le cas où cette distance est supérieure à un seuil prédéfini, aucune famille n'est satisfaisante et le battement étudié donne naissance à une nouvelle famille.

^{VII} Ce deuxième regroupement n'a pas été effectué dans cette étude. Il est principalement nécessaire à l'affichage des données dans le logiciel pour éviter un trop grand nombre de familles ; et ELA Medical possède un tel outil de rassemblement, c'est ce dernier qui sera utilisé.

III.2.1 Calcul des distances

Les paragraphes qui suivent présentent en détail :

- le calcul de la distance entre la forme de l'onde R d'un battement et celle du prototype de la famille,
- le calcul des distances entre les paramètres caractéristiques,
- le calcul de la *distance globale*, somme pondérée de ces différentes distances.

III.2.1.a Distance entre les formes de deux ondes R

Nous définissons une distance normalisée entre la forme de l'onde R du prototype d'une famille de battements et celle du battement considéré exprimé sur sa voie principale. L'emplacement de l'onde R est défini à partir de l'emplacement détecté par l'algorithme de détection des R (cf. chapitre 3). La distance entre l'onde R et l'onde prototype est estimée sur un intervalle de 160 ms qui enferme l'onde R, ce qui correspond à 32 points lors d'un échantillonnage à 200Hz.

Pour ce calcul de distance, le signal et le prototype sont alignés sur le point précis qui repère l'emplacement de leur onde R. Comme cet emplacement peut être légèrement biaisé (de quelques millisecondes) d'un battement à l'autre, on calcule en réalité 7 valeurs de distances (Figure 4), chacune d'elle étant obtenue en décalant légèrement les deux signaux l'un par rapport à l'autre – comme on le fait habituellement pour le calcul de corrélations. On appellera *distance* la plus petite des valeurs calculées. Les décalages relatifs considérés entre les deux signaux à comparer sont de -4 points, -2 points, -1 point, 0 points, 1 point, 2 points et 4 points, ce qui correspond respectivement à des décalages temporels de -20ms, -10ms, -5ms et +5ms +10ms +20ms.

Soit P^i le signal temporel du prototype de la famille i , et S^j le signal temporel du battement j ; la distance entre les deux formes, est calculée de la manière suivante :

$$\varepsilon_{FR} = \min_{\tau} \left(\frac{1}{N_p} \sqrt{\sum_{k=1}^{N_p} (P^i(k) - S^j(k - \tau))^2} \right) \quad \text{Eq. 1}$$

où $\tau \in [-4, -2, -1, 0, 1, 2, 4]$ et $N_p = 32$ points autour de l'onde R.

Remarquons que la valeur du décalage qui minimise la distance pour chaque famille compte parmi les paramètres qui servent à choisir, parmi plusieurs familles, celle qui convient le mieux : si plusieurs d'entre elles sont susceptibles de se voir attribuer le battement considéré, on attribue le signal à la famille pour laquelle cette valeur de décalage est minimum.

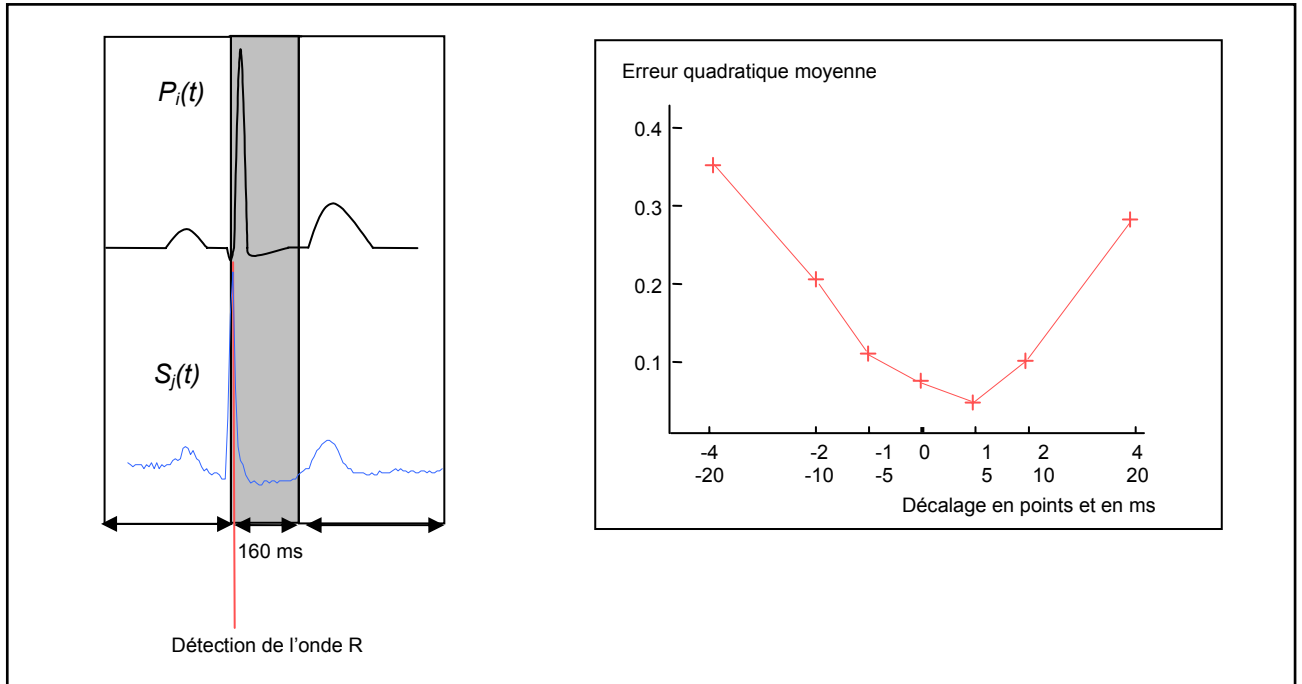


Figure 4 : L'algorithme de détection des ondes R peut introduire un décalage de quelques ms d'un battement à l'autre dans la position de l'onde. On calcule donc 7 distances obtenues en introduisant 7 décalages différents entre le battement et le prototype autour de la position de l'onde R. Ici la meilleure distance est obtenue pour un décalage de 1 point. La zone grisée sur le battement représente la partie du signal qui est prise en considération dans le calcul, c'est la zone la plus modifiée en cas d'ESV.

III.2.1.b Distance sur l'onde P

Afin de séparer dès à présent les battements dont l'onde P est particulière, nous calculons, en plus de la distance sur l'onde R, la distance normalisée sur cette onde. Les points utilisés pour ce calcul sont ceux qui vont du début du segment qui enferme le battement (Figure 4 zone de gauche) jusqu'au point de repérage de l'onde R ; seul un décalage de quelques millisecondes est considéré ici : celui qui résulte du calcul de la distance de forme sur l'onde R (décalage qui minimise cette distance).

Cette distance est un des paramètres contribuant à la décision finale d'intégration ou non du battement étudié à la famille.

III.2.1.c Distance sur les paramètres caractéristiques

Cinq « autres distances » sont calculées, qui sont relatives aux paramètres décrits plus haut :

- La distance sur le *rapport RR*, qui correspond à la différence en valeur absolue entre le rapport RR associé à la famille (exposant B) et celui associé au battement (exposant R) :

$$\varepsilon_{RR} = \left| \frac{RR_s^B}{RR_p^B} - \frac{RR_s^R}{RR_p^R} \right| \quad \text{Eq. 2}$$

- La distance sur le *RR suivant*, qui correspond ici encore à la différence en valeur absolue entre les deux valeurs :

$$\varepsilon_{RRs} = \left| RR_s^B - RR_s^R \right| \quad \text{Eq. 3}$$

- La distance sur *l'amplitude* du complexe, calculée comme la somme des différences des amplitudes de chacune des voies valides :

$$\varepsilon_A = \sum_{\text{voies valides}} \left| A^B - A^R \right| \quad \text{Eq. 4}$$

- La distance sur *l'angle ACP*, qui est la différence en valeur absolue entre l'angle ACP associé au battement et l'angle associé à la famille. Cette quantité est normalisée par l'écart-type. Pour les familles calculées sur deux voies, on a la relation suivante :

$$\varepsilon_{\text{angle}} = \frac{|\theta^B - \theta^R|}{\text{Std}(\theta^B)} \quad \text{Eq. 5}$$

Pour celles qui sont exprimées sur trois voies, cette différence entre « angles » ACP correspond à la distance de Mahalanobis :

$$\varepsilon_{\text{angle}} = \left[\left(\begin{bmatrix} \theta^B \\ \varphi^B \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \theta^R \\ \varphi^R \end{bmatrix} \right)^T \text{Cov}(\theta^B, \varphi^B)^{-1} \left(\begin{bmatrix} \theta^B \\ \varphi^B \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} \theta^R \\ \varphi^R \end{bmatrix} \right) \right]^{1/2} \quad \text{Eq. 6}$$

- La distance sur le *produit des deux premières valeurs propres*, qui est également la différence en valeur absolue entre les deux produits, normalisées par l'écart type de la distribution :

$$\varepsilon_{vp} = \frac{|\lambda_1^B \lambda_2^B - \lambda_1^R \lambda_2^R|}{\text{Std}(\lambda_1^B \lambda_2^B)} \quad \text{Eq. 7}$$

Ces cinq distances avec la distance sur la forme de l'onde R et celle sur la forme de l'onde P sont autant de mesures de « distances » entre le battement considéré et des familles déjà créées : elles permettent de construire une *distance globale* définie au paragraphe suivant.

III.2.2 Calcul de la distance globale

La *distance globale D* entre le battement et la famille est la *somme pondérée* des distances présentées ci-dessus, excepté la distance mesurée sur l'onde P qui sera prise en considération de manière différente.

$$D = \alpha_{RR} \varepsilon_{RR} + \alpha_{RR_s} \varepsilon_{RR_s} + \alpha_A \varepsilon_A + \alpha_{angle} \varepsilon_{angle} + \alpha_{vp} \varepsilon_{vp} + \alpha_{vp} \varepsilon_{vp} \quad \text{Eq. 8}$$

où les α sont les pondérations associées aux différentes distances partielles. Elles ont été fixées empiriquement à partir de l'analyse d'une base d'apprentissage ; leurs valeurs numériques sont indiquées dans le tableau 1.

Type de distance	Forme ε_{FR}	rapport RR ε_{RR}	Amplitude ε_A	RR suivant ε_{RR_s}	rapport des valeurs propres ^{VIII} ε_{vp}	angle ACP ^{VI} ε_{angle}
Pondération de la distance	α_{FR} 20	α_{RR} 0.16	α_A $4 \cdot 10^{-4}$	α_{RR_s} 0.0025	α_{vp} 0.04	α_{angle} 0.08

Tableau 1 : Valeurs numériques des pondérations des distances dans la distance globale D.

^{VIII} Pour mémoire, cette distance est normalisée par l'écart type de la distribution (ou la matrice de covariance).

Les différentes distances portant sur des caractéristiques très différentes les unes des autres, il est difficile de comparer les pondérations entre elles, puisqu'elles tiennent compte à la fois des différences d'échelles entre les différents paramètres et de l'importance relative du rôle de ces paramètres pour discriminer des battements provenant de processus physiologiques distincts. Cependant afin de mieux saisir la pertinence du choix réalisé, nous présentons ci-dessous un exemple, où la valeur de chaque distance apparaît avec sa pondération (Figure 5): on constate que la pondération permet d'obtenir des distances dont les ordres de grandeur sont tout à fait comparables, lorsque prototype et battement à l'étude sont proches.

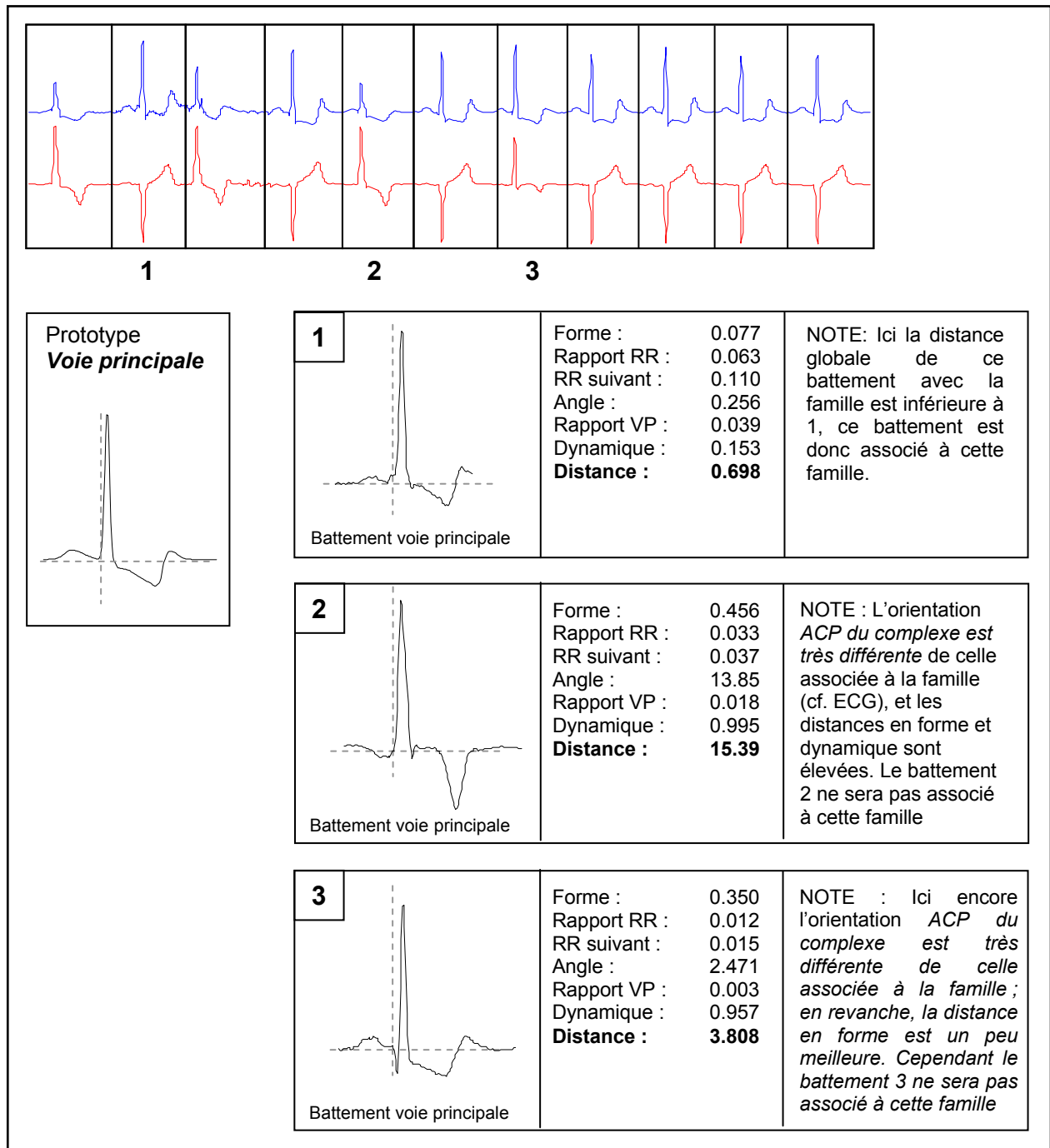


Figure 5 : les battements 1, 2 et 3 sont comparés à une famille existante dont le prototype est présenté à gauche. Pour chacun de ces battements, on retrouve la valeur pondérée de chaque distance. Seul le battement 1 dans ce cas est associé à la famille.

III.2.3 Décision

Les pondérations ci-dessus ont été calculées en cherchant à définir un seuil d'intégration d'un battement dans une famille fixé à la valeur 1. Ainsi, pour qu'un battement donné soit accepté dans une famille, deux conditions doivent être vérifiées :

- la distance globale entre le battement et la famille est inférieure à 1,
- la distance sur l'onde P est inférieure à un seuil prédéfini.

Ainsi, pour chaque battement, un des trois cas suivants se présente :

- une seule famille satisfait les deux conditions : le battement est alors associé à cette famille ;
- aucune des familles existantes ne satisfait simultanément les deux conditions : le battement donne alors naissance à une nouvelle famille ; un prototype de la famille est construit par une modélisation en bosses, et les différents paramètres caractérisant la famille sont alors initialisés ;
- plusieurs familles vérifient les deux conditions : le battement est associé à la famille dont le prototype est le plus proche de ce battement^{IX}.

Un inconvénient de cette approche réside dans le fait que le nombre de familles n'est pas borné (si ce n'est par le nombre de battements !) ce qui, on l'imagine, pourrait entraîner des divergences, c'est-à-dire la création d'un très grand nombre de famille pour chaque série de 20 mn : on peut imaginer le cas extrême où le nombre de famille créé est égal au nombre de battements soit de l'ordre de 100 000 pour 24 heures, ce qui est considérable en terme d'espace mémoire. Une solution pour remédier à ce problème est le contrôle systématique, au moment de la création d'une nouvelle famille, du nombre total de familles : pour les premiers battements de la série, on autorise la création d'un grand nombre de familles, ce qui permet de s'adapter à toutes les nouvelles formes rencontrées, puis au fur et à mesure, la création de familles est limitée suivant le profil présenté en Figure 6. Donc, si, à un instant donné, un battement nécessite la création d'une famille, mais que le seuil de création de familles est dépassé, on regarde tout d'abord si on peut associer de battement à une des familles existantes en relevant le seuil d'acceptation à 5 (au lieu de 1). Si aucune famille n'est acceptable pour ce nouveau seuil, on crée finalement une nouvelle famille. Le nombre de familles n'est donc pas théoriquement borné, mais en pratique il est fortement limité.

^{IX} Le décalage entre l'onde R du battement et celle de la famille est pris en considération à ce niveau.

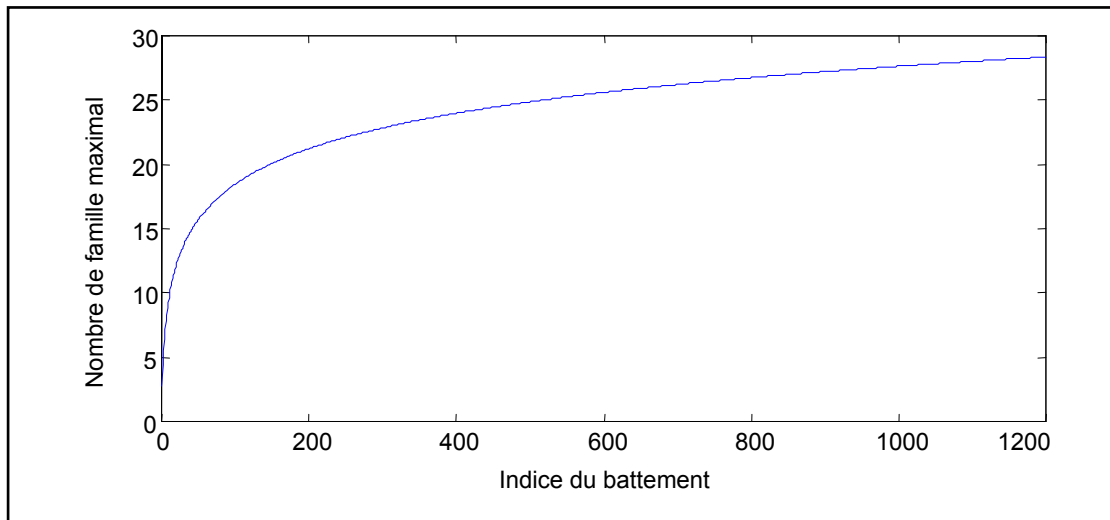


Figure 6 : Le nombre de familles à chaque instant est contrôlé suivant le profil présenté ci-dessus. Le nombre maximal de familles est limité en fonction de l'indice du battement traité (dans la série de 1200 battements). Si, pour un battement donné, aucune famille existante n'est satisfaisante, et si le nombre maximal de familles à cet instant est atteint, le « seuil d'acceptation » en dessous duquel un battement peut être intégré à une famille est relevé. Suivant ce profil, on constate que l'on autorise au début de la série de nombreuses créations de famille, puis, au fur et à mesure du traitement du signal, on limite de plus en plus ces créations, avec un maximum de 28 familles pour 1200 battements.

En résumé, cet algorithme est donc un *algorithme non supervisé*, sans aucune connaissance *a priori* du nombre de classes nécessaires pour regrouper les battements de même origine physiologique et surtout pour différencier ceux dont qui résultent de différents processus.

IV Résultats

La validation de l'algorithme a été effectuée sur la base MIT.

Le premier indice de qualité est l'*homogénéité des familles*. Chaque famille créée par l'algorithme doit être composée de battements tous de même type (en particulier aucune famille ne doit confondre des battements d'origine supraventriculaire avec ceux d'origine

ventriculaire vraisemblable^x). Le deuxième indice de qualité de l'analyse repose sur le nombre total de famille créé.

Ces deux critères sont opposés : en effet, plus le nombre de familles créées par l'algorithme est important, plus l'homogénéité de chacune d'elle est probable. Inversement, si l'on pénalise la création de nouvelles familles, la taille des familles créées augmente, avec un risque accru d'introduire des éléments qui altèrent l'homogénéité des familles. Les pondérations choisies précédemment permettent un compromis entre ces deux critères, le but étant de ne pas mélanger des battements d'aspect ventriculaire avec des battements d'aspect supraventriculaire lorsque ceux-ci sont clairement distinguables visuellement. Les résultats sont présentés ci-dessous.

IV.1 Homogénéité des familles

Le principal critère d'homogénéité de la famille est la bonne séparation des battements ventriculaires des battements d'origine sinusale. Sur l'ensemble de la base MIT, et par rapport aux labels de celle-ci, le taux d'erreur est de 1,9%, c'est-à-dire qu'environ 2 battements sur 100 ne sont pas dans des familles homogènes. Il faut cependant noter que les étiquettes de la base distinguent les *prématurités auriculaires* des battements normaux. Or, la forme de l'onde R de tels battements est identique à celle de battements sinusaux (l'impulsion électrique emprunte les mêmes voies de conduction à partir du nœud jonctionnel), et notre classification ne distingue ce type de battement que lorsque l'onde P est vraiment différente.

Ainsi, en ne comptant pas de telles erreurs, le taux d'erreur devient : 0,5%. Le détail des résultats sur l'ensemble de la base MIT est présenté en Annexe D.

^x À ce niveau de l'analyse, un battement ventriculaire peut être confondu avec un battement d'origine supraventriculaire, nous adressons ici un remerciement au Docteur André Gouérou, du service de cardiologie de Morlaix, qui a attiré notre attention sur l'existence de complexes QRS qui ressemblent fortement à des ESV mais qui, précédés d'une onde P, peuvent être des complexes d'origine supraventriculaire avec aberration de conduction.

IV.2 Nombre final de familles

Le nombre de familles par enregistrement de la base MIT est en moyenne de 17 familles créées sur 1 voie et 24 familles créées sur 2 voies. Il est intéressant de ramener ce nombre au nombre de séries de 1200 battements de chaque enregistrement. Ainsi en moyenne pour 1200 battements, on compte 7,3 familles construites à partir d'une voie, et 10,3 familles construites à partir de 2 voies. En moyenne, 3 familles regroupent 90% des battements.

Le détail de cette étude par enregistrement se trouve également en Annexe D.

IV.3 Perspectives d'amélioration

La classification réalisée ici sépare bien les battements supraventriculaires des battements vraisemblablement ventriculaires, mais ceci parfois au prix de la création de quelques familles inutiles. Ces dernières sont souvent constituées d'un unique battement bruité qui possède soit une forme, soit un autre paramètre, éloigné des familles déjà créées.

Comme nous disposons du niveau des bruits HF et BF de chaque battement, une amélioration envisageable serait d'empêcher la création d'une famille lorsque le battement est trop bruité. Une alternative plus indirecte consisterait à faire varier le seuil de décision sur la distance globale (fixé à 1 ici) en fonction des bruits qui entachent les battements : on fera en sorte que le seuil de décision soit d'autant plus haut que le battement est bruité.

Enfin, compte tenu de l'évolution continue des puissances de calculs disponibles, il est possible que l'étape de classification définie ici devienne inutile, car chaque battement pourra être modélisé par 6 fonctions bosses et, une fois labélisées, ces bosses permettent une meilleure caractérisation de chaque battement et donc un regroupement ultérieur plus fiable.

Résumé :

Ce chapitre présente la classification non supervisée des battements cardiaques. En effet, beaucoup de battements cardiaques proviennent de processus physiologiques identiques et se traduisent par des tracés électrocardiographiques très proches ; il est alors intéressant de rassembler de tels battements pour ne *modéliser qu'un représentant de la classe* ainsi constituée.

Cette classification est effectuée de manière *non supervisée* ; un algorithme spécifique a été développé qui traite les battements par séries de 1200 battements.

On obtient en moyenne sur la base MIT, qui contient des enregistrements d'une demi-heure environ, une vingtaine de classes pour chaque enregistrement, parmi lesquelles deux classes regroupent près de 90% des 1200 battements.

Cet algorithme joue un rôle important dans la rapidité du traitement du signal cardiaque envisagé, car il nous permet de n'étudier que le représentant de chaque famille pour réaliser l'étiquetage des ondes caractéristiques.

La dernière étape de l'analyse consiste en l'*étiquetage des battements*. Elle s'effectue en deux étapes : la première est l'association du label *N* (normal) ou *V* (ventriculaire) à chaque battement en fonction de l'origine de la dépolarisation cardiaque. Le label *N* est attribué aux battements qui ont une origine supraventriculaire ou jonctionnelle ; le label *V* est attribué aux *extrasystoles ventriculaires*, c'est-à-dire aux battements dont l'origine est la dépolarisation d'un foyer ectopique ventriculaire (c.f. Chapitre 1 et 2).

La deuxième étape ne s'applique *qu'aux les battements préalablement étiquetés comme normaux* (label *N*). Pour chacun d'eux, on localise alors l'emplacement des ondes caractéristiques qui les constituent, à savoir l'onde P, l'onde T, et éventuellement les ondes S et Q. Ce chapitre décrit successivement ces deux étapes de l'étiquetage.

I Étiquetage *N* ou *V* des battements

A ce niveau de l'analyse, comme nous l'avons indiqué au chapitre précédent, les battements sont regroupés en *familles* qui, idéalement doivent être homogènes aux sens des labels *N* et *V*. Ainsi, cet étiquetage va porter sur *le prototype de la famille*, et une fois réalisé, chaque battement cardiaque se voit attribuer le label de la famille à laquelle il est associé.

I.1 Recherche de l'onde R

Un descripteur essentiel pour la discrimination *N / V* des battements est *la forme de l'onde R* et notamment *sa largeur*. En effet, les battements d'origine ventriculaire sont habituellement¹

¹ Une exception notable à cette règle est le cas du battement normal, d'origine supraventriculaire, avec *bloc de branche*, où le décalage temporel entre les dépolarisations de l'un et de l'autre ventricules induit un élargissement du complexe QRS.

plus larges que les battements qui sont passés par le nœud jonctionnel (cf. chapitre 1.1.3 Extrasystole ventriculaire).

Pour disposer de la forme de cette onde pour chaque famille de battements, le principe consiste à chercher, parmi les 6 bosses du modèle, celle(s) qui modélise(nt) l'onde R.

A cette fin, nous avons utilisé un réseau de neurones entraîné à reconnaître les bosses ayant une forme représentant l'onde R.

1.1.1 Présentation du réseau

Le réseau de neurones considéré ici nous permet d'estimer la probabilité pour qu'une bosse donnée, décrite par ses 5 paramètres caractéristiques, modélise une onde R.

Plus précisément, on considère une bosse B décrite par le vecteur \mathbf{x} constitué de ses 5 paramètres : $\mathbf{x} = [{}^1\sigma, {}^2\sigma, {}^L\sigma, \mu, A]^T$.

Nous devons conclure à l'appartenance de B à la classe C_R qui est *la classe des bosses modélisant l'onde R*, ou à la classe $C_{\bar{R}}$, qui est *la classe formée des bosses qui ne modélisent pas l'onde R*. Le problème étant un problème à deux classes, on a la première relation suivante :

$$P(C_{\bar{R}}) = 1 - P(C_R) \quad \text{Eq. 1}$$

En associant la valeur 1 à la classe C_R , et la valeur 0 à la classe $C_{\bar{R}}$, un réseau de neurones peut nous donner accès, après apprentissage, à la probabilité a posteriori $P(C_R | \mathbf{x})$ [voir par exemple Bishop, 1995], c'est-à-dire à la probabilité pour une bosse de modéliser une onde R sachant que celle-ci est caractérisée par les paramètres \mathbf{x} .

Par une règle de décision sur cette probabilité, typiquement par sa comparaison à un seuil, nous concluons à l'association ou non du label R à cette onde.

Le réseau utilisé ici est un *perceptron multicouche* (Figure 1). Il comprend 6 entrées correspondant aux 5 paramètres de la fonction bosse et un biais ; le nombre de neurones cachés retenu pour ce modèle est de 4, dont les fonctions d'activation sont des sigmoïdes. La sortie est composée d'un unique neurone dont la fonction d'activation est également une sigmoïde qui assure une sortie comprise entre 0 et 1.

La base d'apprentissage est constituée de 960 bosses qui modélisent l'onde R (classe 1) et 960 bosses qui modélisent d'autres ondes (classe 0). Le choix de 4 neurones cachés, ainsi que les méthodes d'apprentissage et de validation, sont décrites en annexe E.

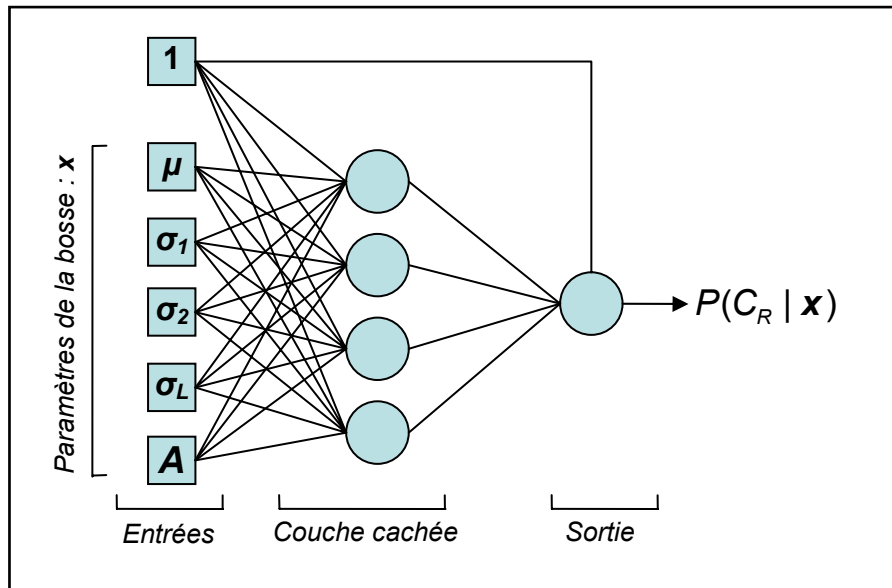


Figure 1 : Réseau de neurones de type perceptron multicouche. Il permet l'estimation de la probabilité pour une bosse de paramètres $\mathbf{x} = (\mu, \sigma_1, \sigma_2, \sigma_L, A)$ d'être une bosse modélisant l'onde R. La fonction d'activation du neurone de sortie est une sigmoïde qui assure une sortie comprise entre 0 et 1.

1.1.2 Décision

A la sortie du réseau de neurones, nous disposons donc, pour une bosse donnée, de la probabilité qu'elle modélise une onde R. Ainsi, les 6 bosses constituant le modèle de chaque famille sont testées une à une par le réseau, et nous disposons donc de 6 probabilités (Figure 2), une par bosse du modèle.

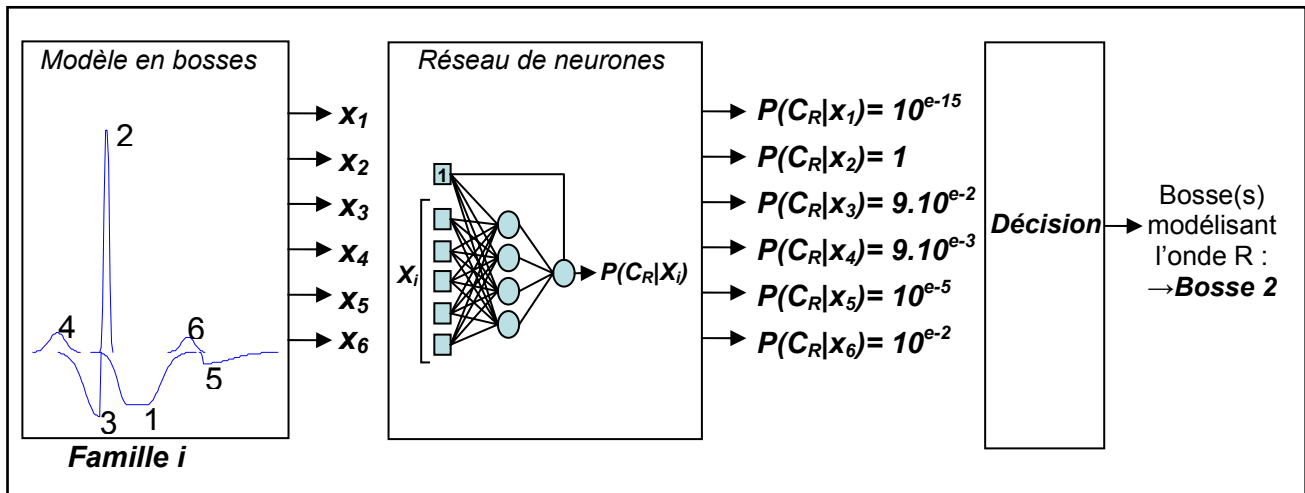


Figure 2 : Les 6 bosses du modèle de chaque famille sont analysées par le réseau de neurones, ce qui permet d'obtenir, pour chacune des bosses, la probabilité qu'elle modélise l'onde R. Une décision fonction de ces 6 probabilités permet de sélectionner la ou les boss(es) qui modélise(nt) l'onde R pour cette famille.

La décision la plus simple serait de ne considérer que la bosse qui à la probabilité la plus élevée de correspondre à une onde R, et d'affirmer qu'elle est celle qui représente l'onde R du battement considéré.

Cependant, suivant le patient et la projection des pistes sur la voie PCA, le complexe QRS peut être soit monophasique, soit biphasique ; ainsi, la représentation en bosses de l'onde R est susceptible d'être composée d'une ou de deux bosses.

Le choix de la bosse ou des bosses représentant l'onde R s'effectue donc de la manière suivante :

- Si deux bosses ont une probabilité supérieure à 0,6 d'être une onde R, elles sont toutes deux étiquetées comme onde R.
- Si aucune des bosses n'a de probabilité supérieure à 0,6 d'être une onde R, mais qu'au moins deux bosses ont une probabilité supérieure à 0,1, alors les deux bosses les plus probables sont étiquetées comme représentant l'onde R.
- Dans tous les autres cas, la bosse la plus probable est étiquetée comme représentant l'onde R, partant de l'hypothèse que chaque battement contient une onde R^{II}.

^{II} Le cas de battements constitués d'une seule dépolarisation auriculaire non conduite n'a pas été envisagé ici, mais pourrait être traité simplement en complétant l'analyse indiquée ici d'une procédure impliquant un réseau de neurones qui attribue aux bosses étiquetées R avec une probabilité faible une nouvelle probabilité, celle d'être une onde P.

Les résultats de l'étiquetage en battements N ou V obtenus sur la base MIT suivant cet algorithme de décision sont présentés en annexe F.

Pour le choix retenu ici de 4 neurones cachés, le taux des bosses de modélisation de l'onde R correctement repérées est de 97,4% sur l'ensemble de la base.

1.1.3 Rassemblement des bosses

Le réseau de neurones a donc permis de désigner pour chaque famille une ou deux bosses qui modélisent l'onde R. Afin d'effectuer la discrimination N/V , deux paramètres essentiels sont *la largeur* et *l'amplitude* de l'onde R.

Suivant le nombre de bosses modélisant l'onde R, cette donnée est plus ou moins accessible :

- Lorsque celle-ci est modélisée par *une unique bosse*, la largeur de l'onde R est considérée comme égale à :

$$L_R = 2.\sigma^1 + 2.\sigma^2 + \sigma^L \quad \text{Eq. 2}$$

et l'amplitude à :

$$A_R = A \quad \text{Eq. 3}$$

où $(\sigma^1, \sigma^2, \sigma^L, A)$ sont les paramètres de la bosse sélectionnée.

- Lorsque *deux bosses* modélisent l'onde R la largeur et l'amplitude sont calculées suivant les positions relatives et les formes des bosses : la largeur est calculée par *fusion* des bosses comme illustré par la Figure 3.

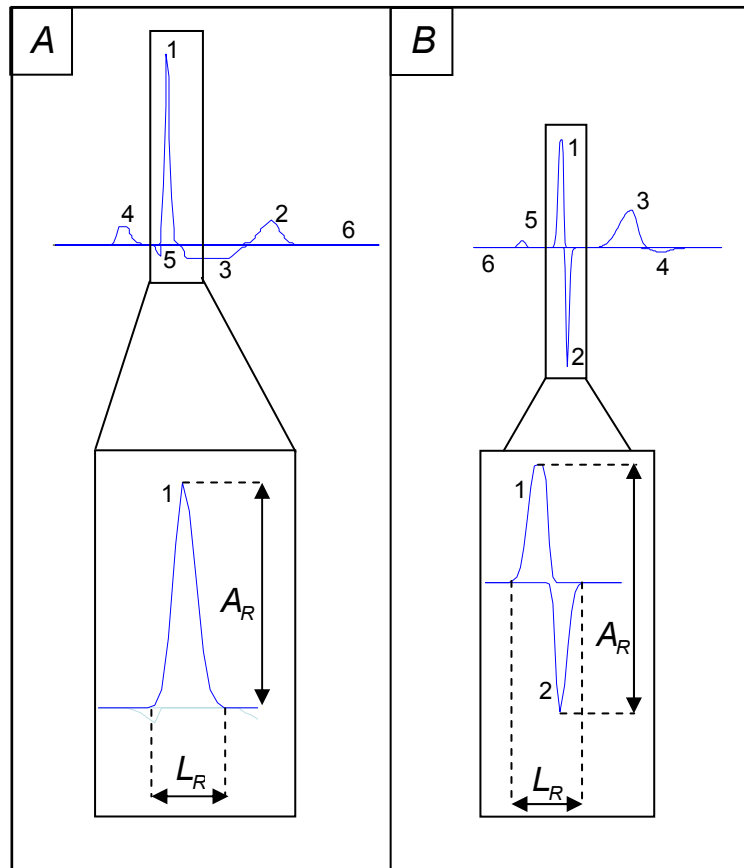


Figure 3 : Estimation de la largeur de l'onde R en fonction du nombre de bosses qui la modélisent : (a) 1 bosse (b) 2 bosses. La largeur de l'onde R est un paramètre important dans la distinction N/V de la famille. Elle est estimée à partir des bosses qui modélisent l'onde R. Suivant le nombre de celles-ci (1 ou 2) l'accès à ce paramètre est plus ou moins direct.

Pour chaque famille, nous disposons donc de la largeur de l'onde R : L_R , et de son amplitude : A_R .

1.1.4 Famille de référence

La forme de l'onde R, en particulier sa durée, peut être très différente d'un patient à l'autre ; considérons l'exemple d'une personne ayant un *bloc de branche* : il peut présenter une dépolarisation ventriculaire normale plus lente, donc au tracé plus large, que des extrasystoles d'un autre individu. Ainsi, lors de l'analyse du tracé Holter d'un patient, pour ne pas risquer d'étiqueter des battements normaux comme des extrasystoles et inversement, *il est indispensable de s'adapter au patient, c'est-à-dire d'identifier une famille normale pour ce patient qui sera prise comme famille de référence pour exprimer de manière relative les différences de formes sur les ondes R et autres paramètres de la famille.*

La *famille de référence* choisie est celle dont le nombre de battements associés est le plus grand. Cette famille fixe les *paramètres de normalités* pour le patient considéré. Ainsi on dispose, pour l'étiquetage, de paramètres supplémentaires qui sont la *largeur normalisée* et l'*amplitude normalisée*.

I.2 Méthode d'étiquetage des familles

La méthode d'étiquetage des familles s'effectue par application de la connaissance experte sur les paramètres de l'onde R : paramètres absolus et paramètres relatifs à la famille de référence, et intervalles RR.

En effet, la modélisation en bosses et la recherche de l'onde R nous donne accès à des grandeurs *directement comparables aux paramètres sur lesquels sont construites les connaissances médicales* : largeur de l'onde R, intervalles RR précédent et suivant le QRS, amplitude. C'est précisément ici que réside tout l'intérêt de la méthode d'analyse que nous proposons.

Un arbre de décision en fonction des valeurs de ces paramètres permet donc d'obtenir un label pour le battement représentant de chaque famille, label valable pour tous les battements de la famille ainsi représentée. Les labels possibles sont *N*, *V*, *L*, et ? :

- *N* : pour les battements dont l'origine correspond à une dépolarisation supraventriculaire,
- *V* : pour les extrasystoles ventriculaires,
- *L* : pour les complexes QRS larges qui ne sont ni classés comme *N* ni classés comme *V*,
- ? : pour les complexes qui n'ont pu être classés dans aucune des familles précédentes.

L'arbre de décision, et les résultats de l'étiquetage des familles, sont présentés précisément en Annexe F. De manière synthétique, le taux de battements bien étiquetés sur la base MIT est de 91 % pour ce qui concerne les labels *N* et *V* avec un taux d'erreur est de 1%. Le reste est reparti comme suit : 3% de battements étiquetés *L*, 3% étiquetés ? et 2% de battements trop bruités pour être étiquetés.

La suite présente l'étiquetage des ondes caractéristiques pour les battements normaux.

II Étiquetage des ondes

L'étiquetage des ondes caractéristiques s'effectue donc sur les familles de battements considérés comme normaux, c'est-à-dire portant le label N défini ci-dessus. La principale difficulté que l'on rencontre dans l'étiquetage des ondes constitutives des battements réside dans le fait que le regroupement des battements en familles a été réalisé sur des critères relatifs *au rythme et à la forme de l'onde R* ; ainsi, des battements présentant *des ondes P (et/ou T) différentes* sont susceptibles de se retrouver rassemblés dans *une même famille*. La méthode utilisée pour effectuer le repérage est ainsi composée de deux étapes successives : en premier lieu, on analyse le modèle en bosses représentant une famille, ce qui permet de définir des *zones caractéristiques* (une pour chaque onde caractéristique : P, Q, S et T) qui sont les emplacements supposés des ondes correspondantes pour cette famille ; l'étude de *chaque battement* appartenant à la famille considérée permet ensuite de localiser précisément chaque onde dans ces zones préalablement repérées.

II.1 Zones caractéristiques

Pour localiser les zones caractéristiques, on étudie le modèle de la famille considérée.

II.1.1 Identification des bosses

II.1.1.a Les réseaux de neurones pour identifier les ondes

La démarche est identique à celle qui est utilisée pour localiser l'onde R, on va construire un classifieur qui va associer chaque bosse du modèle à une classe, chacune de ces classes représentant une onde caractéristique (P, Q, S ou T). Pour construire ce type d'algorithme à partir de réseaux de neurones, deux approches différentes peuvent être envisagées. La première est la construction d'un classifieur unique qui possède une sortie par classe, nous disposons ainsi en sortie de la probabilité d'appartenance de l'entrée considérée à chacune des

classes. Mais ce type de classifieur n'est pas adapté à notre problème pour deux raisons : les bosses du modèle ne représentent pas toujours une onde caractéristique, ce qui imposerait la création d'une classe supplémentaire en sortie qui correspondrait à la classe des bosses ne modélisant aucune onde cardiaque. L'inconvénient de ce type de classe est sa très grande variabilité, ce qui entraîne des problèmes pour réaliser de bons apprentissages. La seconde raison est que l'apprentissage du classifieur unique impose d'utiliser une base qui possède autant de bosses pour chacune des classes et c'est une contrainte difficile à réaliser ici : les modèles en bosses de la base que nous utilisons sont quasi systématiquement constitués de bosse(s) modélisant l'onde P et T mais plus rarement de bosses modélisant significativement les ondes Q et S. Le nombre de bosses disponibles pour chacune des classes est donc différent comme nous le verrons dans la suite.

La seconde approche est celle retenue ici, elle consiste à construire des « petits » classifieurs discriminant chacun une onde contre les autres. On réalise ainsi quatre réseaux de neurones, un par onde caractéristique P, Q, S et T, chacun capable d'identifier parmi les bosses du modèle celle(s) qui modélise(nt) l'onde à laquelle il est associé. L'entrée des réseaux est, comme précédemment, le vecteur constitué des paramètres de la bosse analysée, et la sortie est un nombre compris entre 0 et 1 qui constitue une estimation de la probabilité pour cette bosse de modéliser l'onde associée au réseau (Figure 4).

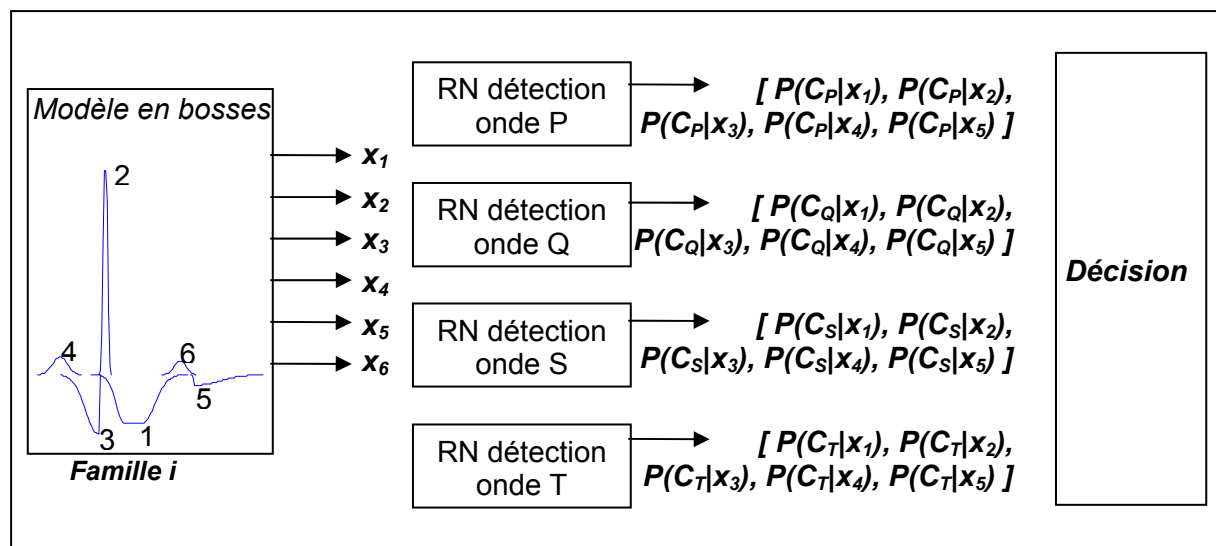


Figure 4 : Pour étiqueter les bosses, on utilise quatre réseaux de neurones (1 par onde caractéristique) entraînés chacun à reconnaître une onde particulière. En sortie de chaque réseau, on dispose donc de la probabilité pour chaque bosse de modéliser l'onde associée au réseau. Une analyse simple de ces probabilités fournit un critère de décision permettant d'associer un label à chaque bosse.

Pour effectuer les apprentissages il est nécessaire de disposer d'une série de battements dont les modèles en bosses sont étiquetés. Malheureusement, les annotations des bases disponibles (comme la base du MIT ou celle de AHA) ne concernent que les ondes R, et il n'existe pas de base internationale du même type dans laquelle les emplacements des ondes P, S, Q et T soient repérées. Ela Medical a contribué à la construction d'une telle base. Grâce à cette base avec ondes étiquetées, il a été possible de définir une base constituée de 1000 battements dont les modèles en bosses sont complètement étiquetés. Cependant, chaque onde caractéristique n'est pas nécessairement présente sur chaque battement ; ainsi les bases d'apprentissage et de validation de chaque réseau sont de tailles variables ; elles sont en revanche systématiquement constituées du même nombre d'ondes du label considéré (sortie 1 pour le réseau correspondant) que d'ondes ne portant pas ce label (sortie 0)

Le nombre de neurones cachés de chaque réseau a été déterminé après apprentissages et tests, de la même façon qu'il l'a été pour le réseau spécialisé pour la classification des ondes R (Annexe E). Les résultats sont présentés dans le tableau 1.

	Nombre de neurones cachés	Nombre de points d'apprentissage	Nombre de points de test	Erreur base d'apprentissage (%)	Erreur base de test (%)
Réseau onde P	3	1464	1710	0.3	0.5
Réseau onde Q	3	600	290	2.8	2
Réseau onde S	3	956	824	2	1.5
Réseau onde T	5	2238	2506	0.5	0.8

Tableau 1 : Paramètres d'architecture, d'apprentissage et de validation des réseaux de neurones pour l'identification des bosses modélisant des ondes caractéristiques. Les tailles des bases d'apprentissage et de validation sont indiquées, ainsi que les taux d'erreur qui correspondent aux battements mal classés suivant l'algorithme de décision présenté au paragraphe II.1.1.b.

II.1.1.b Décision

Ainsi, grâce aux réseaux précédemment décrits, nous disposons, pour chaque bosse d'un modèle, de quatre probabilités qui correspondent chacune à la probabilité que cette bosse modélise l'onde P, l'onde Q, l'onde S ou l'onde T.

Pour les ondes P et T, le label que l'on associe à la bosse analysée est celui qui présente la probabilité la plus élevée, *si cette probabilité est supérieure à 0,8*. Une fois ces deux ondes

repérées, les ondes Q et S sont localisées. Leurs labels sont associés par analyse des probabilités des bosses restantes. Le label associé à ces dernières est ici encore le label de la probabilité la plus élevée (Q ou S) si celle-ci est supérieure à 10^{-6} ^{III}.

Ainsi chaque bosse du modèle possède maintenant un label : P, Q, R, S, T ou éventuellement X, si aucune des conditions précédentes n'est vérifiée.

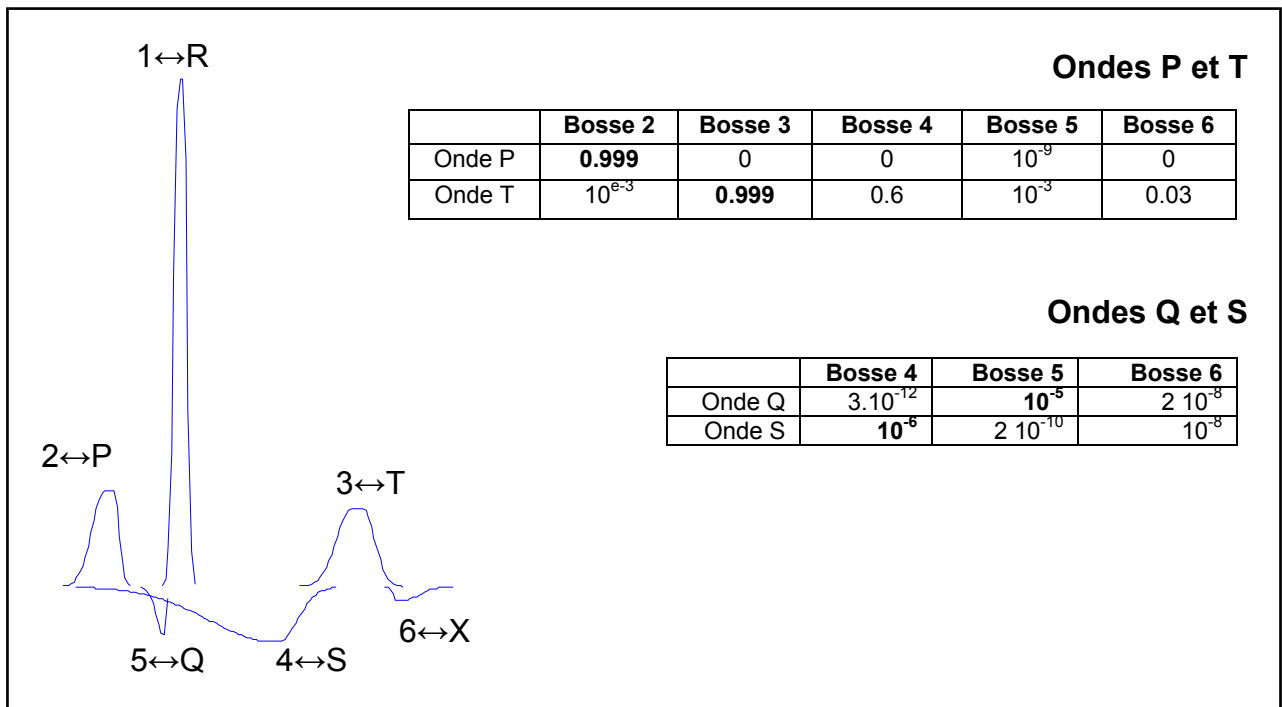


Figure 5 : Chaque bosse, au regard des probabilités qui lui ont été associées par les réseaux de neurones, se voit associer un label parmi les labels (P, Q, S, T et X) ; le label R de la bosse 1 a déjà été attribué.

II.1.2 Rassemblement en zones

Une fois les bosses identifiées, nous définissons une *zone caractéristique* « entourant » chaque onde caractéristique. Lorsqu'une bosse unique modélise l'onde caractéristique considérée, la zone est définie grâce aux paramètres de cette bosse (Figure 5). Pour une bosse

^{III} Les ondes P et T sont de formes variables, mais bien représentées dans les bases d'apprentissage. Ainsi les réseaux chargés de les reconnaître sont bien spécialisés et présentent en sortie des probabilités élevées pour les bosses modélisant ces ondes. En revanche, la variabilité sur les ondes Q et S est très importantes, et les bases ne représentent pas de manière exhaustive l'ensemble des valeurs des paramètres de bosses possibles ; les valeurs de sortie des réseaux associés peuvent donc être très faibles, ce qui explique le seuil très bas sur ces deux probabilités. En vue de l'application finale, il sera nécessaire de construire des bases de données exhaustives plus importantes pour ces deux labels.

de paramètres $x = [\mu, \sigma^1, \sigma^2, \sigma^L, A]$, les bornes gauche et droite sont définies de la manière suivante :

$$B_g = \mu - \sigma^L / 2 - 3\sigma^1$$

$$B_d = \mu + \sigma^L / 2 + 3\sigma^2$$

Eq. 4

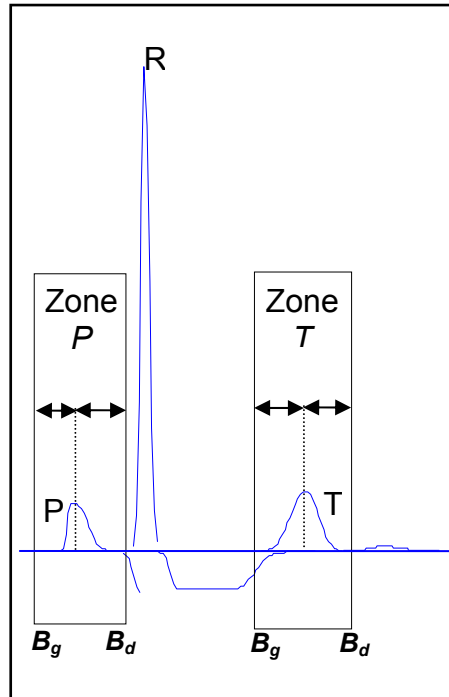


Figure 6 : Les bosses modélisant l'onde P d'une part et celles modélisant l'onde T d'autre part permettent de définir des zones caractéristique (une zone P, une zone T). C'est dans ces zones que sera recherché ensuite, pour chaque battement, l'emplacement précis de chacune de ces ondes.

Lorsque plusieurs bosses modélisent la même onde, celles-ci sont au préalable rassemblées comme c'est le cas pour les bosses qui modélisent l'onde R (cf. I.1.3, Rassemblement des bosses- Figure 3).

II.2 Repérage des ondes au niveau de chaque battement

Comme nous l'avons déjà précisé, il est nécessaire de *réétudier chaque battement* pour localiser chacune des ondes avec précision. Ce travail a été réalisé ici pour les ondes P et T.

Pour chaque famille, après analyse des bosses du modèle qui lui correspond, nous disposons donc d'une zone localisant l'onde P et d'une zone localisant l'onde T.

II.2.1 L'onde P

Il s'agit maintenant de localiser l'onde P avec précision pour chaque battement d'une famille donnée. L'hypothèse faite ici est qu'elle se trouve dans la zone caractéristique de l'onde P associée à cette famille.

Pour définir précisément son début^{IV}, nous modélisons par *une bosse unique* la voie principale du battement considéré dans la fenêtre temporelle définie par la zone caractéristique (Figure 7). On souhaite ainsi modéliser l'onde P et obtenir, grâce aux paramètres de la bosse, l'emplacement temporel de son centre, sa largeur à gauche et sa largeur à droite.

Nous aurions pu choisir de modéliser cette partie du signal par deux bosses, ce qui aurait sans nul doute donné une meilleure approximation de l'onde P surtout dans le cas où cette onde est biphasique, mais notre premier objectif a été de *localiser* l'onde plus que de la modéliser, afin d'en définir *le début*. Par ailleurs, cette procédure est appliquée à l'ensemble des battements normaux, et l'apprentissage de deux bosses deviendrait trop coûteux en temps. Cependant, une telle modélisation précise de l'onde P avec plusieurs bosses reste envisageable sans modification algorithmique majeure, dans le cas où l'utilisateur est intéressé par l'évolution de la forme précise de l'onde P au cours d'un enregistrement Holter.

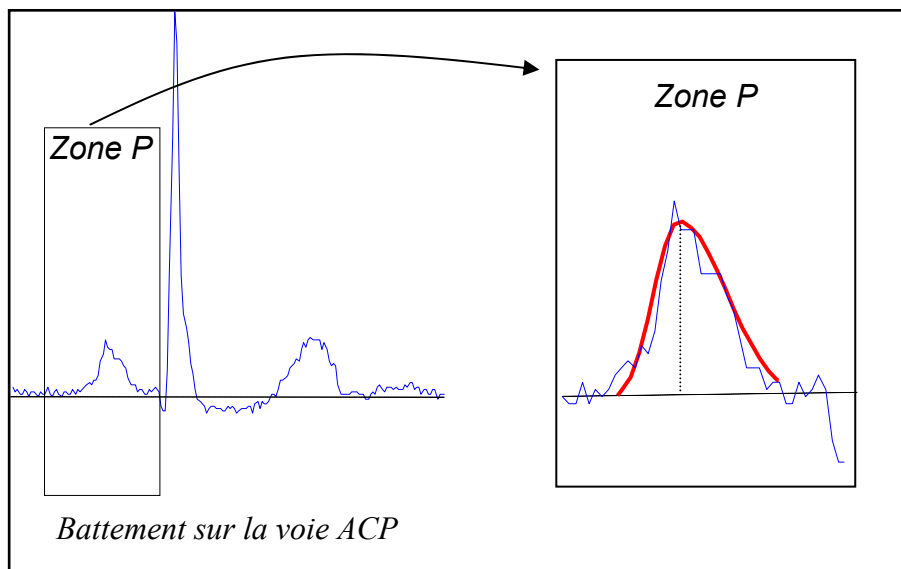


Figure 7 : La zone caractéristique est appliquée à chaque battement de la famille. Une modélisation en bosse du signal sur la voie ACP dans cette zone, permet de repérer rapidement l'emplacement de l'onde.

^{IV} Les mesures de distances PR s'effectuent à partir du début de l'onde P jusqu'au début de l'onde R.

La modélisation de la zone caractéristique par une bosse s'effectue avec l'algorithme présenté chapitre 6 (cf. chapitre 6 : Modélisation du battement cardiaque). Cependant, afin de limiter le temps de calcul, la bosse initiale n'est pas choisie dans une bibliothèque préalablement construite, mais simplement *identique à celle qui résulte de l'apprentissage du battement précédent de la même famille*^V.

Une fois la bosse adaptée, une série de tests sur ses paramètres sont effectués pour vérifier si elle correspond bien à ce qu'est une onde P d'après les définitions médicales^{VI} : principalement au niveau sa largeur totale qui typiquement n'excède pas 100 ms ; le cas échéant on repère *son commencement* pour définir le point de mesure de l'intervalle PR par exemple. Dans le cas contraire, on garde en mémoire l'indice du battement pour présenter en fin d'analyse les battements pour lesquels l'onde P n'a pas été trouvée.

II.2.2 L'onde T

La méthode de repérage de l'onde T est identique à celle qui a été présentée ci-dessus. À partir de la zone caractéristique correspondant à l'onde T, on applique l'algorithme de modélisation en bosses avec *une bosse unique*.

Lorsque cette bosse entre bien dans les gabarits de l'onde T, on repère *sa fin* qui indique le point de mesure de la distance QT par exemple.

III Résultats

Nous présentons ici des résultats sur des enregistrements de la base MIT. L'analyse complète a été réalisée, et les ondes P et T ont été repérées.

^V La bosse initiale pour le premier battement est, quant à elle, définie au centre de la zone caractéristique avec une largeur arbitraire, mais médicalement justifiée, de 0,08s.

^{VI} L'avantage de travailler avec une seule bosse est l'identification complète de la fonction bosse et de l'onde caractéristique P. Ainsi, les caractéristiques physiologiques de cette onde, portant principalement sur sa largeur et son amplitude, peuvent directement être comparées aux paramètres de la bosse.

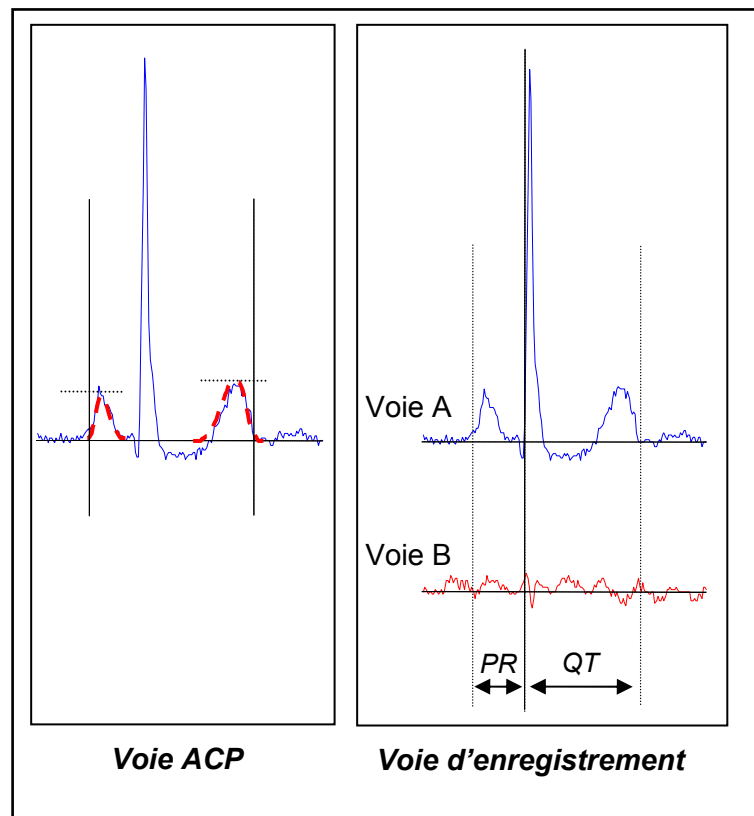


Figure 8 : Les emplacements des ondes repérées sur la voie ACP sont directement appliqués au signal sur les voies d'enregistrements.

Pour chaque battement, nous disposons donc de son label N ou V , indiquant si celui-ci est d'origine normale ou ventriculaire. Nous avons également, pour la majorité des battements normaux, les informations sur l'onde P et T, comme, par exemple, le commencement de l'onde P, ou la fin de l'onde T, ce qui permet de calculer les distances PR et QT.

III.1 Tracé de la distance PR

On présente sur la Figure 9 un exemple de courbe obtenue par notre analyse. Il s'agit ici de la distance entre l'onde P et l'onde R pour un peu plus de 200 battements. Ici les variations de quelques millisecondes sont physiologiques, et la distance est normale.

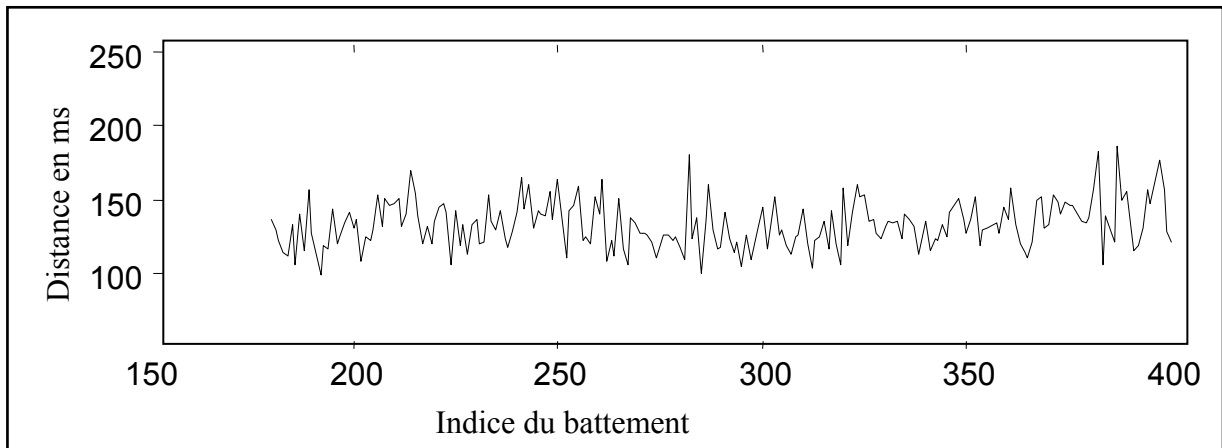


Figure 9 : Distances PR calculées sur quelques battements de l'enregistrement MIT 220.

III.2 Tracé de la distance QT

On présente en Figure 10 un deuxième type de tracé obtenu suite à notre analyse. C'est ici la distance QT qui est représentée. Cette distance est normalement corrélée au rythme (cf. chapitre 2.I.2 Le battement cardiaque) ; c'est ce que l'on observe sur la Figure 11.

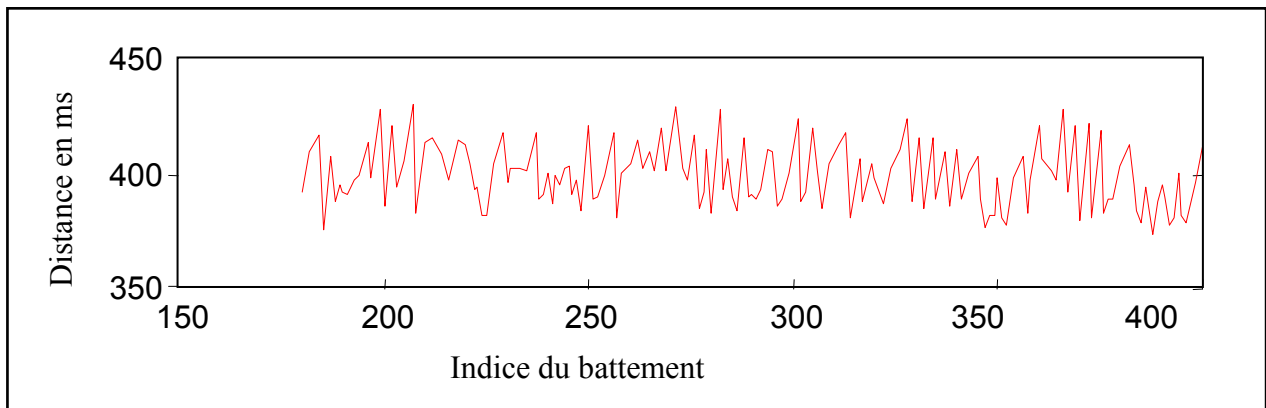


Figure 10 : Distances QT calculées sur quelques battements de l'enregistrement MIT 220.

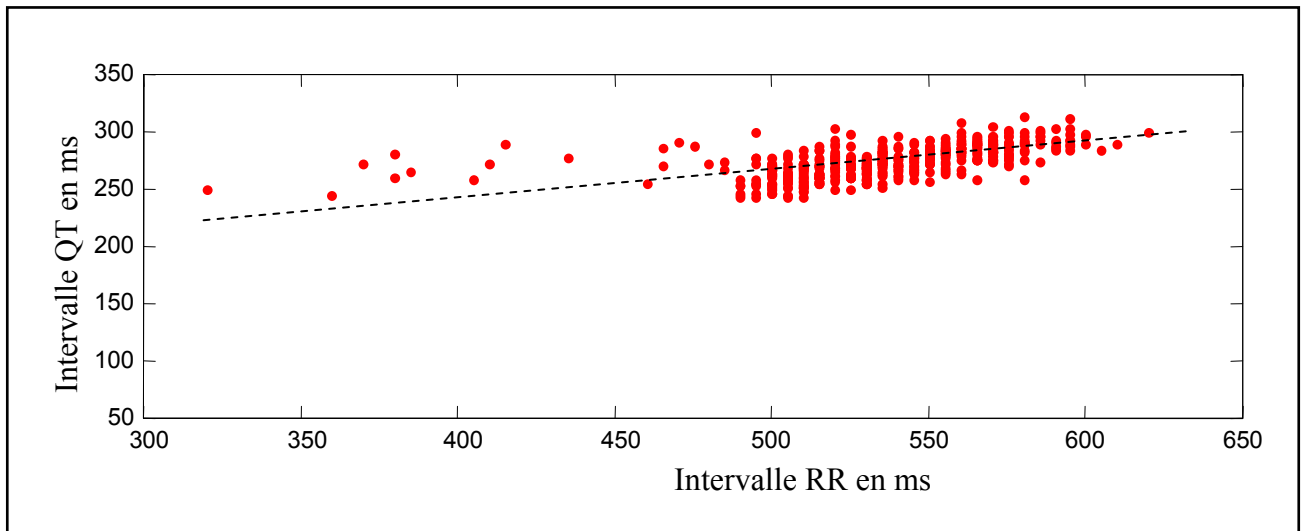


Figure 11 : L'intervalle QT est corrélé au rythme cardiaque. Une simple interpolation linéaire permet de vérifier des critères de normalités. Ici, le patient présente un certain nombre d'extrasystoles prématurées, ce qui introduit des intervalles RR courts.

III.3 Etude d'un foyer ectopique auriculaire

L'enregistrement présenté sur la Figure 12 montre une période pendant laquelle un foyer ectopique auriculaire vient remplacer le sinus. Sa présence est clairement affichée par l'inversion de la forme de l'onde P sur la première voie.

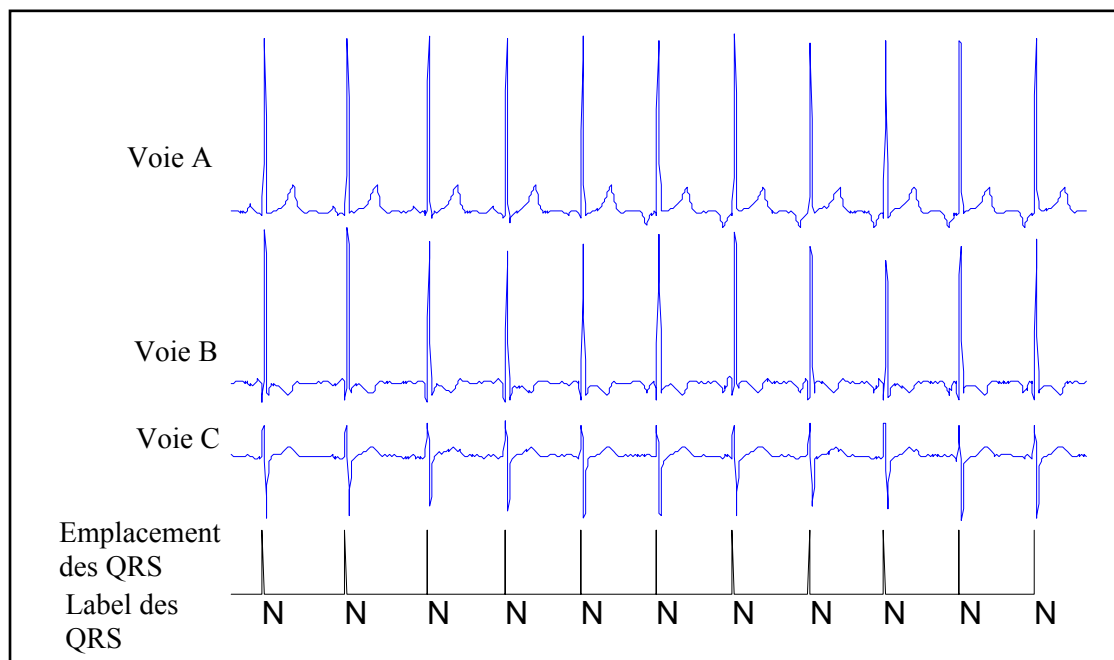


Figure 12 : Enregistrement présentant une période de rythme imposé par un foyer ectopique auriculaire. L'onde P a une forme clairement différente sur la voie A : elle est inversée.

Cet épisode est détecté automatiquement par l'analyse de l'amplitude de l'onde P pour chaque battement (Figure 13).

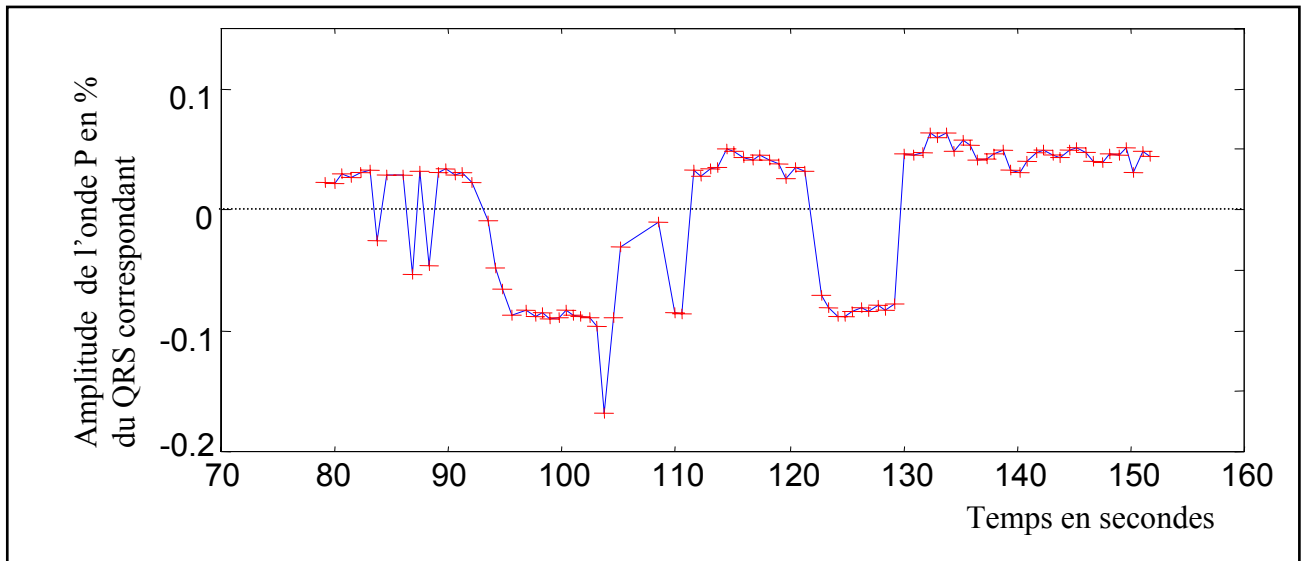


Figure 13 : amplitude de l'onde P sur la voie A au court du temps sur 100 battements. On détecte le foyer ectopique grâce au changement d'amplitude de l'onde P.

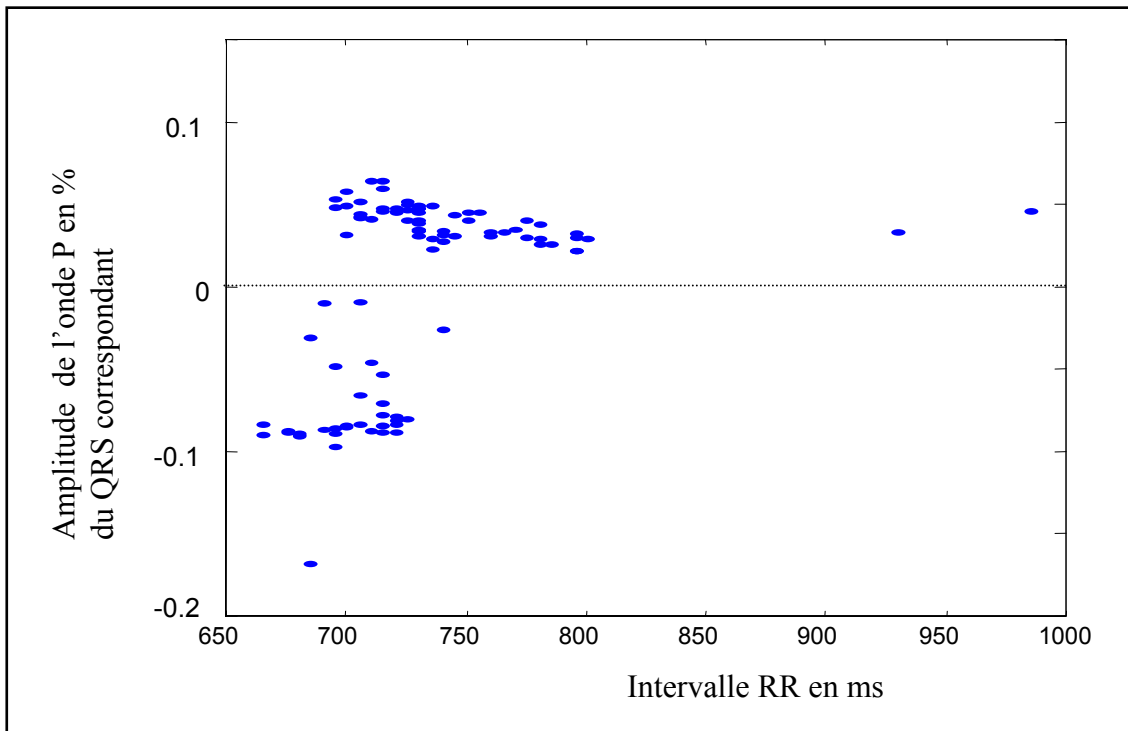


Figure 14 : Amplitude de l'onde P en fonction de l'intervalle RR. On remarque que, pendant les périodes d'activité du foyer ectopique (onde P négative), la fréquence de ce dernier est légèrement plus rapide que la fréquence sinusal, ce qui explique que celui-ci remplace le sinus pendant les phases où le sinus est trop lent : en période nocturne par exemple.

III.4 Enregistrement annoté

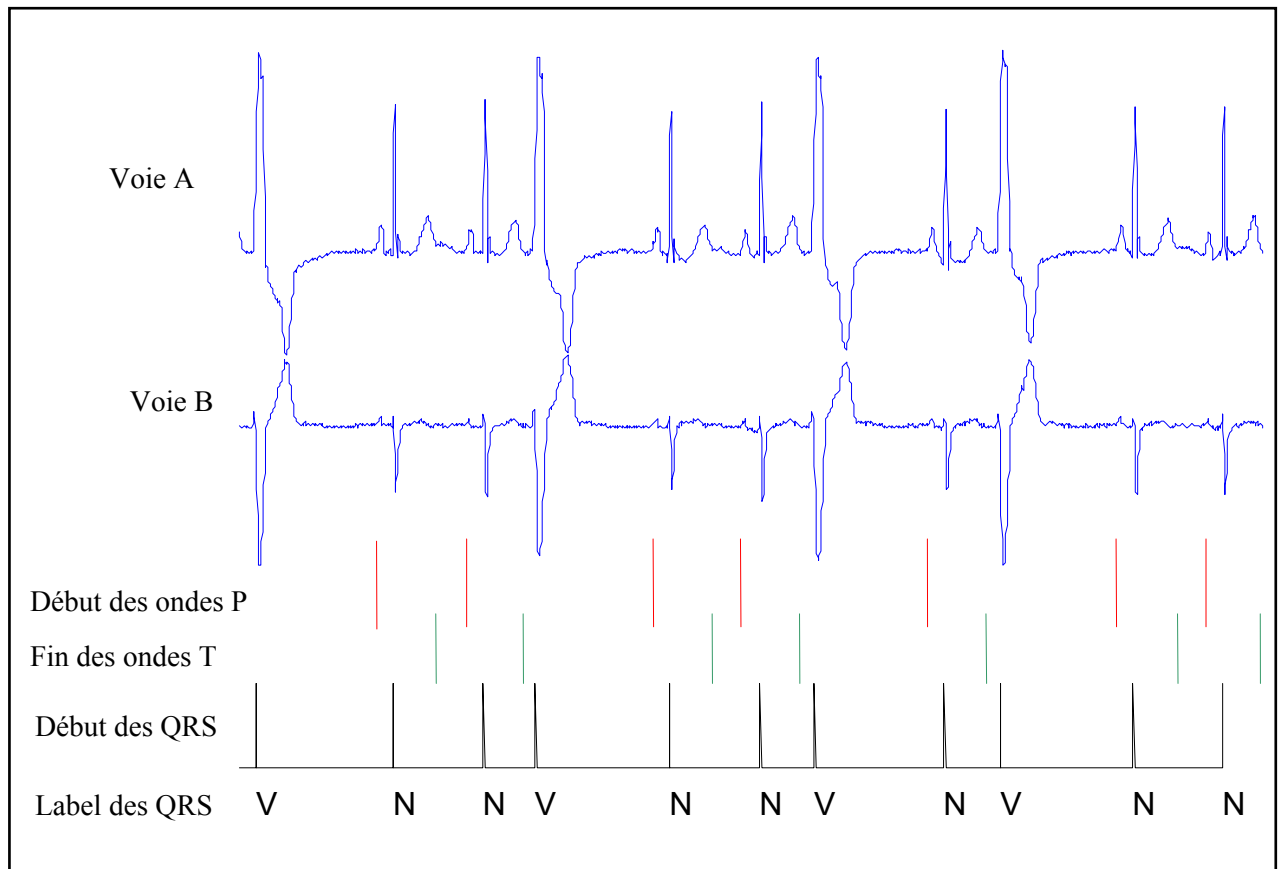


Figure 15 : Exemple d'enregistrement (MIT 119) contenant les informations issues de l'algorithme dans son ensemble. On distingue ainsi l'emplacement des ondes de dépolarisation, le label associé à chaque battement, et, pour les battements normaux, le début de l'onde P et la fin de l'onde T.

Résumé :

Nous avons présenté ici les outils utilisés pour l'étiquetage des battements cardiaques. En effet, après l'agrégation des battements, on souhaite, d'une part, attribuer à chacun d'eux un label N ou V en fonction de l'origine de leur dépolarisation d'une part, et, d'autre part, repérer les ondes caractéristiques.

La première étape commence par la localisation de la ou des bosse(s) modélisant l'onde R par un réseau de neurones formels. En effet, l'étiquetage N ou V nécessite ce repérage, qui permet d'accéder à des informations indispensables pour cette discrimination : la largeur du complexe, par exemple. La classification proprement dite est effectuée par application directe de la connaissance médicale. Les résultats obtenus sur la base MIT sont de l'ordre de 1% d'erreur.

La seconde étape est l'étude des battements normaux pour la localisation des ondes caractéristiques. Ici encore, on commence par l'étude des bosses du modèle par des réseaux de neurones, chacun d'eux étant associé à une onde caractéristique (P, Q, S et T). Ensuite, chaque battement est réétudié, et, par application d'une nouvelle bosse et un cours apprentissage, on localise P ; on procède à la localisation de l'onde T par une procédure identique.

Une fois cette analyse effectuée, on peut donc accéder à des informations synthétiques, notamment à des courbes de tendances comme l'évolution, au cours du temps, de la distance PR, de la distance QT, de l'amplitude de l'onde P, ou encore de l'amplitude de l'intervalle ST par exemple.

Conclusion

Ce travail a présenté une méthode originale d'analyse des électrocardiogrammes de longue durée (Holter) ; les algorithmes que nous avons présentés se classent en deux catégories :

- les algorithmes qui sont fondés sur des *méthodes connues* effectuant des tâches déjà disponibles dans les logiciels, dont nous avons amélioré les performances, ou que nous avons adaptés aux exigences de notre étude,
- les algorithmes qui mettent en œuvre des *méthodes nouvelles*, et fournissent des informations jusqu'ici non disponibles pour l'analyse.

L'algorithme de détection des ondes R (*chapitre 3*) fait partie de la première catégorie ; les résultats obtenus ici sont sensiblement meilleurs que ceux qui étaient disponibles jusqu'à présent, et notre outil permet dorénavant l'étude simultanée des 3 voies d'enregistrement. La méthode de détection de la ligne de base (*chapitre 4*) est plus robuste que celle qui est disponible actuellement : les ECG sont à présent ramenés de manière fiable, sur une ligne isoélectrique plate ; elle permet en outre d'obtenir les niveaux de bruit de haute fréquence et de basse fréquence, à tout instant, pour chacune des pistes. L'algorithme de classification non supervisée (*chapitre 7*) permet de regrouper les battements en familles ; son principe ne fait appel à aucune nouveauté théorique, mais son adaptation à notre application permet d'obtenir un fonctionnement performant. Il était indispensable d'adapter ces différents algorithmes pour mettre en application les nouvelles méthodes de traitement du signal qui constituent la deuxième partie du travail.

La décomposition en bosses des battements cardiaques (*chapitre 6*) est une méthode originale de modélisation. Dans ce travail, le critère de qualité d'une modélisation satisfaisante n'est pas un critère numérique, comme une erreur quadratique : c'est la pertinence de la *représentation* de l'information contenue dans le signal, qui doit permettre d'appliquer, le plus facilement possible, la connaissance experte : c'est donc un *critère cognitif* qui permet de définir la qualité de la modélisation réalisée. En outre, cette méthode permet d'exprimer le signal sous forme de descripteurs qui portent un sens pour le praticien : ici, une *fonction bosse*

représente *une onde* caractéristique de l'ECG. Cette méthode a donné lieu, en partenariat avec Ela Medical, à un dépôt de brevet en Europe et aux Etats-Unis.

La mise en œuvre de l'analyse en composantes principales (*chapitre 5*) est également une nouveauté pour l'analyse de l'ECG. Elle introduit la notion de vectocardiogramme qui, jusqu'à présent, n'a pas été étudiée de manière automatique ; de plus, elle permet d'étudier un signal cardiaque indépendant des mouvements et de la respiration du patient, comme s'il provenait d'électrodes virtuelles liées au cœur.

L'ensemble de ces deux parties a donc permis de construire une décomposition du signal ECG dans une base de descripteurs qui est directement liée à la description utilisée par les cardiologues pour poser leurs diagnostics. Le dernier chapitre (*chapitre 8*) a ainsi présenté l'application de la connaissance experte au signal décomposé en fonctions bosses :

- pour différencier les battements d'origine supraventriculaire de ceux d'origine ventriculaire,
- pour rechercher l'onde P et l'onde T de chaque battement, ce qui permet la construction de tracés inédits de l'évolution de grandeurs d'intérêt telles que la distance PR ou la distance QT en fonction du temps, au cours de tout l'enregistrement, ou en fonction du rythme.

Perspective pour l'analyse ECG

L'algorithme issu de ce travail, après des tests de validation à grande échelle, va être introduit dans le logiciel existant de Ela Medical.

Le temps d'exécution, à partir du logiciel Matlab,, de l'analyse de deux heures d'enregistrement sur un ordinateur de type Pentium IV 2,5Ghz est d'environ 1000 secondes. D'après [Serre, 2001], ce temps est 100 fois supérieur au temps d'un code identique compilé en langage C, ce qui conduit à environ *deux minutes pour un enregistrement complet de 24 heures*. En outre d'autres gains de temps sont réalisables au niveau de l'analyse de la ligne de base et de la détection des ondes R, qui peuvent être réalisés sur des enregistrements sous-échantillonnés à 100 Hz (ce qui représente deux fois moins de points que ce qui est fait actuellement), et l'analyse des ondes P et T peut être limitée à certaines zones de l'ECG.

Cependant, pour pouvoir constituer un module complet d'analyse d'enregistrements de longue durée, il reste à développer un outil de *rassemblement des familles* puisque ces dernières sont aujourd'hui définies à partir de battements provenant de 20 minutes d'enregistrement (chapitre 7) ; le logiciel SyneScope de Ela Medical possède un tel outil qui pourra être utilisé dans un premier temps.

L'extraction du signal respiratoire par analyse en composantes principales est également une voie de recherche encourageante pour détecter de manière ambulatoire les *apnées et hypopnées du sommeil* qui ne sont détectés aujourd'hui qu'en milieu hospitalier ; des tests à grande échelle sont également nécessaires pour valider cette application.

Perspective de la méthode

La *décomposition en bosses* pour la recherche d'informations pertinentes fait l'objet aujourd'hui d'une généralisation en deux dimensions dans le cadre du travail de thèse au laboratoire¹. Si l'étude du signal ECG a nécessité des bosses *unidimensionnelles*, dont la seule variable est le temps puisque l'ECG est un signal à une seule dimension (amplitude en fonction du temps), les nouvelles bosses utilisées sont bidimensionnelles : il s'agit en effet de réaliser une représentation de cartes dites « temps-fréquences » (amplitude en fonction du temps et de la fréquence), obtenues à partir d'enregistrements électroencéphalographiques chez le rat et chez l'homme (Figure 1). Cette méthode permet, comme dans notre cas, de réduire la masse d'information contenue dans ces cartes à quelques paramètres pertinents, ce qui permet d'effectuer des comparaisons à grande échelle de ces cartes, et de recueillir ainsi une information spécifique sur l'activité neuronale sous-jacente. Cet exemple illustre l'intérêt plus général de la méthode de la *décomposition en bosses* que nous avons proposée, dans le domaine du traitement du signal.

¹ Thèse de Francois-Benoit Vialatte, dans le cadre d'une collaboration entre le Laboratoire d'Électronique de L'ESPCI et l'Institut des Sciences Cognitives de Lyon

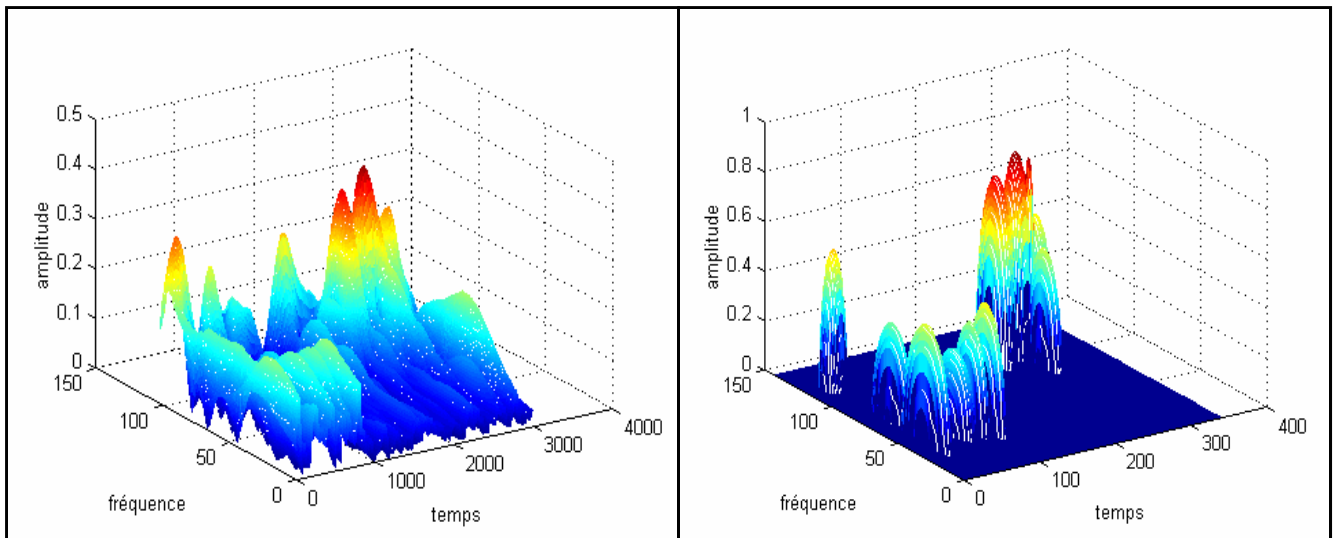


Figure 1 : Exemple de modélisation de cartes temps-fréquence par des bosses de dimensions 2. La carte originale à droite représente la transformée en ondelettes d'un enregistrement électroencéphalographique chez le rat ; la carte de gauche représente quatre bosses sélectionnées et adaptées par un algorithme issu du principe présenté dans le chapitre 6.

Bibliographie

- [AAMI,1987] AAMI, "Recommended practice for testing and reporting performance results of ventricular arrhythmia detection algorithms", Techn. Rep. AAMI, ECAR-1987, Arlington VA 1987.
- [Adamec,2000] J. Adamec and R. Adamec, *ECG Holter Manuel d'interprétation électrocardiographique: Médecine & Hygiène*, 2000.
- [AHA-DB,1997] AHA-DB, *AHA Database Series 1: The American Heart Association Electrocardiographic - ECRI*, 1997.
- [Ahmed,2000] S. M. Ahmed, A. Al-Sharouf and M. Abo-Zahhad, "ECG Data Compression using Optimal non-Orthogonal Wavelet", *Medical Engineering & Physics*, vol. 22, pp. 39-46, 2000.
- [Bahoura,1997] M. Bahoura, M. Hassani and M. Hubin, "DSP Implementation of Wavelet Transform for Real Time ECG Wave Forms Detection and Rate Analysis", *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 52, pp. 35-44, 1997.
- [Bishop,1995] C. Bishop, *Neural Networks for pattern recognition*: Clarendon Press - Oxford, 1995.
- [Broyden,1970] C. G. Broyden, "The Convergence Double Rank Minimization Algorithms. 2. The New Algorithm", *J. Inst. Maths Applics*, vol. 6, pp. 222-231, 1970.
- [Chen,1967] S. Chen, S. A. Billings and W. Luo, "Orthogonal least squares methods and their application to non-linear system", *Int. J. Control*, vol. 50, pp. 1873-1896, 1967.
- [Coast,1990] D. A. Coast, R. M. Stern, G. G. Cano and S. A. Briller, "An Approach to Cardiac Arrhythmia Analysis Using Hidden Markov Models", *IEEE Transaction on Biomedical Engineering*, vol. 37, pp. 826-836, 1990.
- [DeBakey,1997] M. E. DeBakey and A. M. Gotto, *Le coeur en action*: Institut d'édition Sanofi~Synthelabo, 1997.
- [D'Orgeval,2002] T. D'Orgeval, "Analyse de la respiration à partir d'électrocardiogrammes", ESPCI, laboratoire d'Electronique 2002.
- [Dreyfus,2002] G. Dreyfus, M. Samuelides, M. Martinez, M. Gordon, *et al.*, *Réseaux de Neurones*, Eyrolles ed, 2002.
- [Dubin,1999] D. Dubin, *Lecture Accélérée de l'ECG*, Maloine ed, 1999.

- [Einthoven,1941] W. Einthoven, "The galvanometric registration of the human electrocardiogram, likewise a review of the use of capillary-electrometer in physiology", in *Cardiac classics*: Willius FW-CV Mosby, St Louis, 1941.
- [Escofier,1990] B. Escofier and J. Pagès, *Analyses factorielles simples et multiples*. Paris: Dunod, 1990.
- [Everitt,1974] B. Everitt, *Cluster Analysis*: SSRC - Halsted Press, 1974.
- [Fillette,1983] F. Fillette, G. Fontaine and B. Tardieu, *L'essentiel sur l'enregistrement Holter de l'ECG*: Masson, 1983.
- [Foucart,1984] T. Foucart, *Analyses Factorielle de Tableaux Multiples*. Paris: Masson, 1984.
- [Hilton,1997] M. L. Hilton, "Wavelet and Wavelet Packet Compression of Electrocardiograms", *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 44, pp. 394-402, 1997.
- [Holter,1961] N. Holter, "New method for heart Studies", *Science*, vol. 134, pp. 1214-1229, 1961.
- [Houghton,1997] A. R. Houghton and D. Gray, *Maîtriser l'ECG de la théorie à la clinique*, Masson ed, 1997.
- [Hurst,1990] J. W. Hurst, *Ventricular Electrocardiography*: Lippincot Williams & Milkins Publishers, 1990.
- [Kohonen,1984] T. Kohonen, *Self organisation and associative memory*: Springer Series in Information Sciences, 1984.
- [Korn,1961] G. Korn and T. Korn, *Mathematical handbook for scientists and engineers*: McGraw-Hill book company, 1961.
- [Koski,1996] A. Koski, "Modelling ECG Signals with Hidden Markov Models", *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 8, pp. 453-471, 1996.
- [Levenberg,1944] K. Levenberg, "A method for the solution for certain non linear problems in least squares", *Quarterly Journal of Applied Mathematics*, vol. 2, pp. 164-168, 1944.
- [Lombardot,2002] B. Lombardot, "Traitement d'enregistrement Holter pour l'étude de la respiration", ESPCI, Laboratoire d'Electronique 2002.
- [Mallat,2000] S. Mallat, *Une exploration des signaux en ondelettes*, Les Editions de l'Ecole Polytechnique ed, 2000.
- [Marey,1876] E. Marey, "Des variations électriques des muscles et du coeur en particulier, étudiées au moyen de l'électromètre de M. Lippmann", *CR Acad Sci (Paris)*, vol. 82, pp. 975, 1876.

- [Marr,1980] D. Marr and E. Hildreth, "Theory of Edge Detection", *Proceedings of the Royal Society of London Serie B, Biological Sciences*, vol. 207, pp. 187-217, 1980.
- [Minoux,1983] M. Minoux, *Programmation Mathématique*, Dunod ed: Tome 1, 1983.
- [MIT-DB,1997] MIT-DB, *The MIT-BIH Arrhythmia database (third edition)*: Massachusetts Institute of Technology - <http://ecg.mit.edu>, 1997.
- [Naken,1993] P. Naken, "A metric for line segments", *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 15, pp. 1312-1318, 1993.
- [Oussar,2000] Y. Oussar and G. Dreyfus, "Initialization by selection for wavelet network training", *Neurocomputing*, vol. 34, pp. 131-143, 2000.
- [Pan,1985] J. Pan and W. J. Tompkins, "A Real-Time QRS Detection Algorithm", *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. BME 32, pp. 246, 1985.
- [Pavlidis,1974] T. Pavlidis and S. Horowitz, "Segmentation of plane curves", *IEEE Trans. Computers*, vol. 23, pp. 860-870, 1974.
- [Poularikas,1996] Poularikas, *The Transforms and Applications Handbook*, IEEE Press ed: CRC Press, 1996.
- [Press,1992] W. H. Press, S. A. Teukolsky, W. T. Vetterling and B. P. Flannery, *Numerical Recipes in C*: Cambridge University Press, 1992.
- [Ray,1992] B. Ray and K. Ray, "An algorithm for polygonal approximation of digitized curves", *Pattern Recognition Lett.*, vol. 13, pp. 489-496, 1992.
- [Senhadji,1996] L. Senhadji, L. Thoraval and G. Carrault, "Continuous wavelet transform: ECG recognition based on phase and modulus representations and hidden Markov model", *Wavelet Applications in Medicine and Biology*, pp. 439-463, 1996.
- [Serre,2001] N. Serre, "Analyse d'outils informatiques pour l'étude de réseaux de neurones".: ESPCI, laboratoire d'Electronique, 2001.
- [Slama,1987] R. Slama and G. Motté, *Aide Mémoire de Rythmologie*, Flammarion ed, 1987.
- [Stephenson,2000] J. Stephenson, "Detection of Isoelectric Baseline and High Frequency Noise within Electrocardiographic Signal", ESPCI, Laboratoire d'Electronique 2000.
- [Suppappola,1997] S. Suppappola, Y. Sun and S. A. Chiaramida, "Gaussian Pulse Decomposition: An intuitive Model of Electrocardiogram Waveforms", *Annals of Biomedical Engineering*, vol. 25, pp. 252-260, 1997.
- [Thakor,1984] N. V. Thakor, J. G. Webster and W. J. Tompkins, "Estimation of QRS Complex Power Spectra for Design of a QRS Filter", *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 31, pp. 702-706, 1984.

- [Thoraval,1994] L. Thoraval, G. Carrault and J. J. Bellanger, "Heart Signal Recognition by Hidden Markov Models: The ECG Case", *Methods of Information in Medicine*, vol. 33, pp. 10-14, 1994.
- [Thorndike,1953] R. Thorndike, "Who belongs in a family ?", *Psychometrika*, vol. 18, pp. 267-276, 1953.
- [Torrésani,1995] B. Torrésani, *Analyse continue par ondelettes*, InterEditions/CNRS Editions ed: Savoirs Actuels, 1995.
- [Waller,1893] A. Waller, *An introduction to human physiology*. New-York: Longmans Green, 1893.
- [Zareba,2001] W. Zareba, P. Maison-Blanche and H. L. Locati, *Noninvasive electrocardiology in clinical practice*. New-York: Futura Publishing Compagny, Inc., 2001.

L'algorithme de détection des complexes QRS a été testé sur l'ensemble de la base MIT. Cette base est constituée de 48 enregistrements de 30 mm chacun. Un avantage de cette base est qu'elle couvre un grand nombre de pathologies, ce qui permet de valider la détection des ondes R pour un grand nombre de cas.

Pour juger de la qualité d'un algorithme de ce type, trois grandeurs sont habituellement mesurées :

- NTA (Nombre Total Analysé), qui est le nombre de battements analysés par l'algorithme,
- FP, qui est le nombre de « faux positifs » : c'est le nombre d'ondes R qui ont été détectées par l'algorithme alors qu'elles ne font pas partie de cette catégorie : ces erreurs peuvent correspondre à des emplacements repérés par l'algorithme alors qu'il n'y avait aucune onde caractéristique, ou encore à une onde repérée comme R alors qu'il s'agit d'une autre onde caractéristique.
- FN : faux négatifs : c'est le nombre d'ondes étiquetées R que l'algorithme n'a pas détectées.

Le tableau 1 présente les valeurs de ces trois grandeurs obtenues lors des analyses des 48 enregistrements.

Chaque analyse a été effectuée en deux étapes ; on présente ici les résultats en fin de chacune des étapes.

La première étape correspond à l'analyse de la totalité des 30 minutes de chaque enregistrement : les annotations issues de l'algorithme sont comparées à celles des fichiers de référence, et toutes les erreurs sont comptabilisées ; cette étape est dite « sans analyse du bruit ».

Par opposition, la seconde étape est l'analyse « avec analyse du bruit » : dans ce cas, on ne compte pas, dans les erreurs, les annotations issues de zones trop bruitées. Ces zones sont identifiées de manière automatique pendant l'analyse. C'est cette dernière analyse qui est utilisée dans la suite, car il est primordial de repérer les zones trop bruitées pour ne pas les analyser.

Enregistrement	NT	Sans Analyse du bruit			Avec analyse du bruit			
		NTA	FP	FN	NTA	FP	FN	%Réussite
MIT_100	2272	2265	0	2	2265	0	0	100
MIT_101	1865	1857	3	2	1847	0	0	100
MIT_102	2187	2180	0	2	2180	0	0	100
MIT_103	2084	2077	0	2	2077	0	0	100
MIT_104	2229	2222	4	2	2221	4	0	99,82
MIT_105	2572	2561	29	5	2475	16	3	99,23
MIT_106	2027	2022	7	0	2022	7	0	99,65
MIT_107	2137	2128	0	3	2128	0	1	99,95
MIT_108	1763	1755	6	2	1714	6	0	99,65
MIT_109	2532	2525	0	2	2525	0	0	100
MIT_111	2124	2116	0	2	2114	0	0	100
MIT_112	2539	2532	0	2	2532	0	0	100
MIT_113	1794	1785	0	2	1784	0	0	100
MIT_114	1879	1871	0	2	1871	0	0	100
MIT_115	1953	1946	1	2	1940	1	0	99,95
MIT_116	2412	2406	0	1	2404	0	0	100
MIT_117	1535	1528	0	2	1524	0	0	100
MIT_118	2278	2270	0	2	2270	0	0	100
MIT_119	1987	1981	0	1	1981	0	0	100
MIT_121	1863	1856	0	2	1849	0	0	100
MIT_122	2476	2469	0	2	2467	0	0	100
MIT_123	1518	1511	0	2	1511	0	0	100
MIT_124	1619	1612	0	2	1612	0	0	100
MIT_200	2601	2588	8	5	2574	8	3	99,57
MIT_201	1963	1935	0	23	1935	0	21	98,91
MIT_202	2136	2129	1	2	2129	1	1	99,91
MIT_203	2980	2964	77	10	2922	76	8	97,13
MIT_205	2656	2649	0	2	2634	0	0	100
MIT_207	1860	1851	403	2	1818	0	0	100
MIT_208	2955	2925	8	15	2910	7	13	99,31
MIT_209	3004	2993	0	2	2991	0	2	99,93
MIT_210	2650	2636	3	7	2628	1	5	99,77
MIT_212	2748	2741	0	2	2696	0	0	100
MIT_213	3250	3243	0	2	3241	0	0	100
MIT_214	2261	2254	1	2	2250	1	0	99,96
MIT_215	3363	3356	0	2	3355	0	0	100
MIT_217	2208	2200	1	2	2199	1	0	99,95
MIT_219	2154	2147	0	1	2133	0	0	100
MIT_220	2048	2041	0	2	2041	0	0	100
MIT_221	2427	2411	11	3	2410	11	1	99,5
MIT_222	2483	2475	8	3	2467	8	1	99,64
MIT_223	2605	2598	0	2	2592	0	0	100
MIT_228	2053	2045	0	3	2045	0	1	99,95
MIT_230	2256	2249	0	2	2249	0	0	100
MIT_231	1571	1561	0	5	1561	0	3	99,81
MIT_232	1743	1735	7	2	1735	7	0	99,6
MIT_233	3079	3071	0	2	3071	0	0	100
MIT_234	2753	2745	0	2	2739	0	0	100
TOTAL	109452	109017	578	151	108638	155	63	
Erreur (%)				0.67 %			0.2 %	

Tableau 1 : Résultats de l'analyse sur la base MIT

I Avec analyse du bruit / Sans analyse du bruit



Figure 1 : Pendant cet enregistrement, il y a eu un bruit simultané sur les deux pistes. L'algorithme a alors repéré un complexe en trop. Cependant, celui-ci est rejeté (marque orientée vers le bas). On remarque que les deux complexes QRS suivants, bien que correctement repérés, sont également rejetés : les deux pistes sont en effet encore trop bruitées.

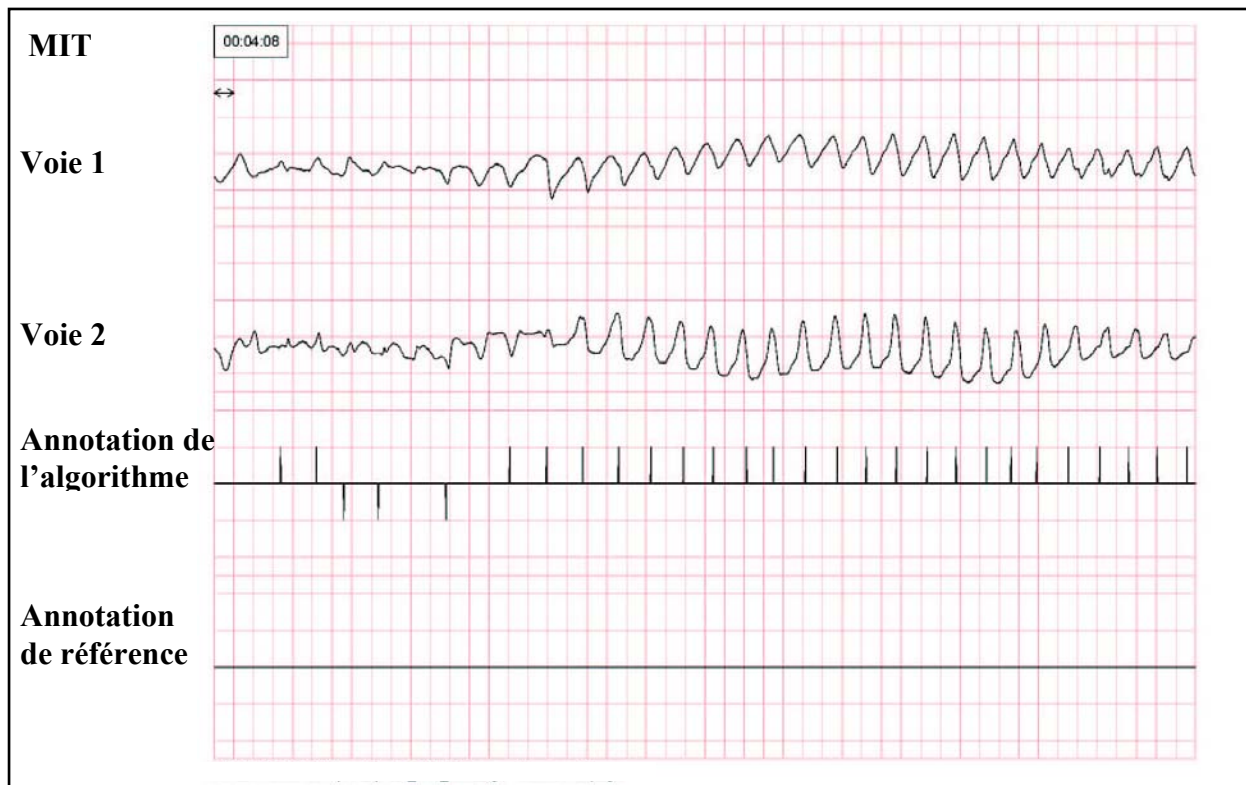


Figure 2 : Lors de l'enregistrement MIT_207, le patient présente 5 périodes de tachycardie ventriculaire. Pendant ces périodes, les annotations sont absentes de la base car les ondes ne peuvent être identifiées comme des QRS. En revanche, notre algorithme repère cette période, ce qui explique le nombre très élevé de faux positifs pour cet enregistrement.

II Faux positifs (FP)



Figure 3 : L'enregistrement est ici très bruité en moyenne fréquence : les pics de bruit ressemblent beaucoup aux QRS voisins. L'algorithme n'a donc pas sélectionné cette zone comme zone trop bruitée, et a introduit des faux positifs (FP).

III Faux négatifs (FN)

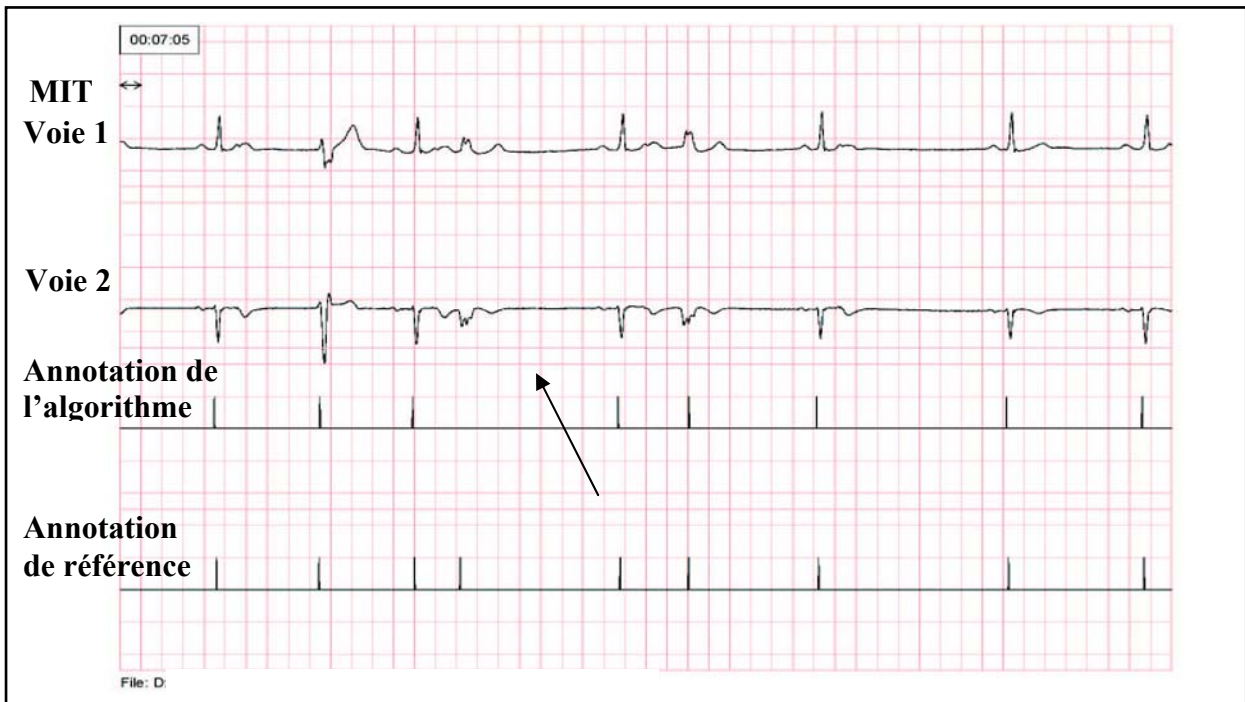


Figure 4 : L'extrasystole n'a pas été détectée. Sa forme est en effet trop étalée, et sa projection trop petite pour qu'elle soit repérée par l'algorithme. C'est un faux négatif (FN).

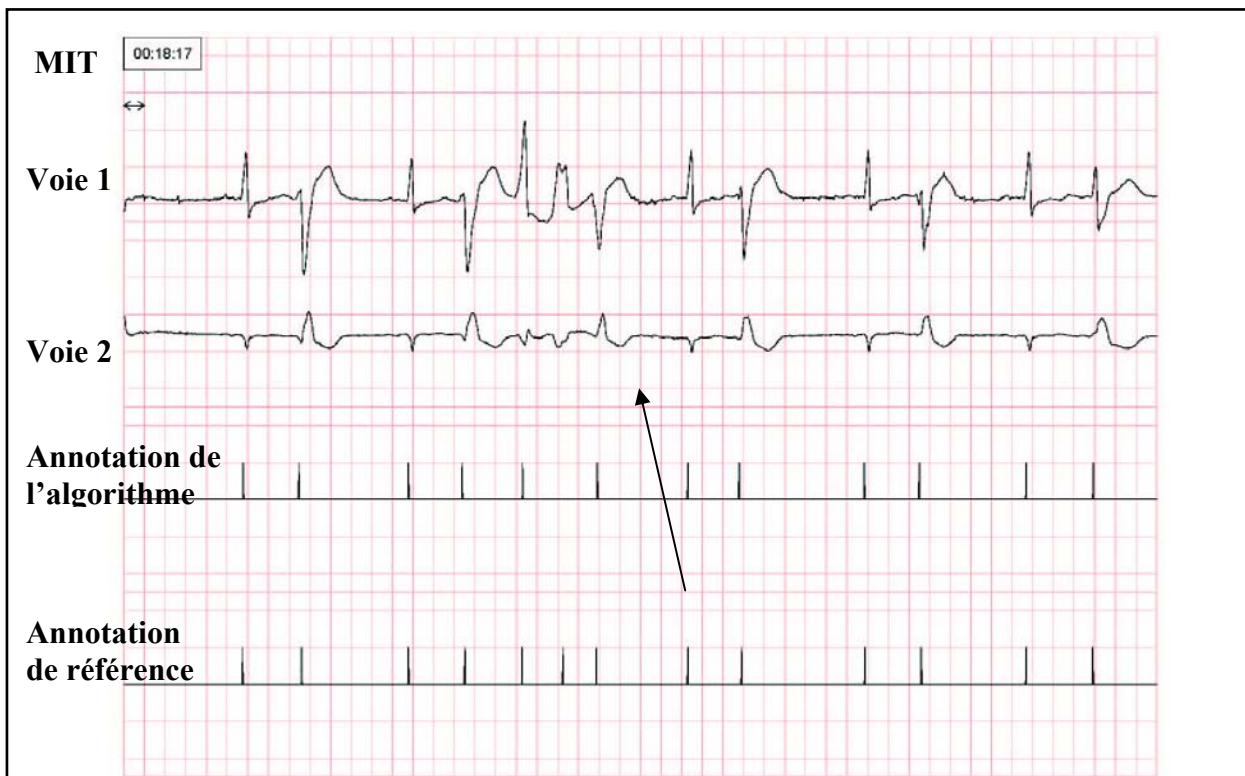
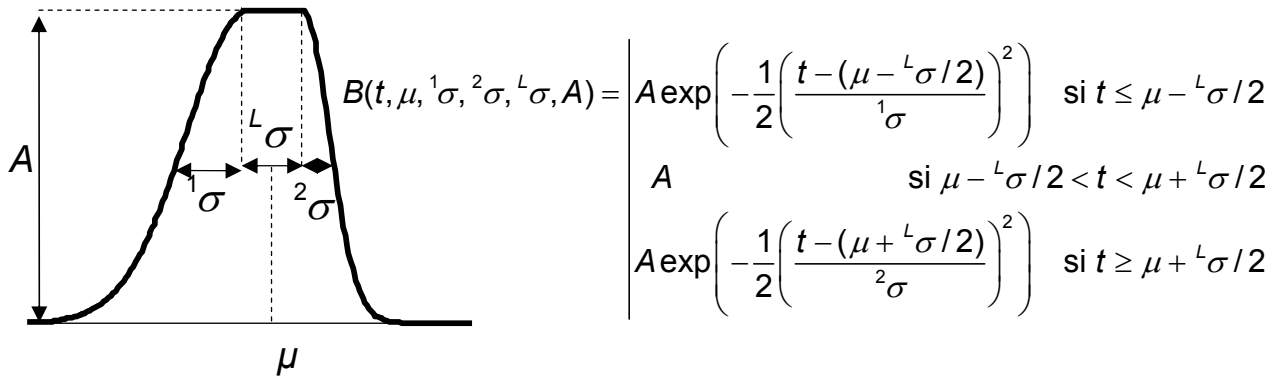


Figure 5 : Ici encore la deuxième ESV n'a pas été détectée. C'est une erreur difficile à corriger. En effet, la première ESV, de grande amplitude, « masque » cette dernière.

Adapter les paramètres des fonctions bosses B au signal représentant le battement cardiaque E revient à minimiser la fonction de coût suivante :

$$J(\mu, {}^1\sigma, {}^2\sigma, {}^L\sigma, A) = \frac{1}{N_p} \sum_{k=1}^{N_p} \left({}^{app}E^1(k) - B(k, \mu, {}^1\sigma, {}^2\sigma, {}^L\sigma, A) \right)^2$$

où $\mu, {}^1\sigma, {}^2\sigma, {}^L\sigma$ et A sont les paramètres de la bosse B , et ${}^{app}E^1$ est le signal représentant le battement dans le voisinage de la bosse comme défini au chapitre 7.



La fonction J étant non linéaire en les paramètres, cette optimisation est effectuée par des algorithmes d'optimisation non linéaire multidimensionnelle. Deux algorithmes sont successivement appliqués pour chaque adaptation: le premier est un algorithme du 1^{er} ordre, au cours duquel la direction d'optimisation en un point est colinéaire au gradient de J en ce point. Le second est d'ordre 2 ; la direction de descente est colinéaire au *produit du gradient par l'inverse du Hessien* [Minoux, 1983].

Par construction, les paramètres de la bosse sont soumis aux contraintes suivantes :

$${}^1\sigma > 0, {}^2\sigma > 0 \text{ et } {}^L\sigma \geq 0$$

Les apprentissages sont donc réalisés *sous contraintes*.

Le premier algorithme est dit du *gradient projeté* [Minoux, 1983] ; nous lui avons apporté une modification pour accélérer sa convergence. Comme nous le montrons dans la suite, cette amélioration a été rendue possible grâce au caractère particulier des contraintes.

Le deuxième algorithme est celui de Broyden, Fletcher, Goldfarb et Shanno (BFGS) [Broyden, 1970] [Minoux, 1983] que nous avons adapté à l'apprentissage sous contraintes.

I Algorithme du gradient projeté

L'algorithme est bien présenté dans [Minoux, 1983] ; les notations que nous utilisons ici sont les mêmes que celles de cette référence.

Le vecteur \mathbf{x} à optimiser est un vecteur de dimension 5, $\mathbf{x} = [{}^1\sigma, {}^2\sigma, {}^L\sigma, \mu, \mathbf{A}]^T$. Le problème s'écrit donc sous la forme :

$$\left[\begin{array}{l} \text{Minimiser } J(\mathbf{x}) \\ \text{sous les contraintes : } \mathbf{A} \cdot \mathbf{x} \leq \mathbf{B} \end{array} \right.$$

où la matrice \mathbf{A} et le vecteur \mathbf{B} expriment les contraintes. Ils s'écrivent dans notre cas de la

$$\text{manière suivante : } \mathbf{A} = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ et } \mathbf{B} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}.$$

On appelle $I^0(\mathbf{x})$ l'ensemble des indices des lignes de \mathbf{A} tels que *la contrainte est saturée* au point \mathbf{x} , ce qui se traduit en notant \mathbf{a}_i la $i^{\text{ème}}$ ligne de \mathbf{A} par :

$$I^0(\mathbf{x}) = \{i \mid \mathbf{a}_i \cdot \mathbf{x} = \mathbf{b}_i\}.$$

Soit \mathbf{A}^0 la sous-matrice issue de \mathbf{A} construite avec les lignes d'indices I^0 .

L'algorithme classique du gradient projeté consiste à calculer la direction \mathbf{d} d'optimisation en projetant le gradient de $J(\mathbf{x})$, $\nabla J(\mathbf{x})$, sur l'intersection des hyperplans définis par chacune des contraintes saturées en \mathbf{x} , ce qui s'écrit de la manière suivante :

$$\mathbf{d} = -(\mathbf{Id} - \mathbf{A}^{0T} [\mathbf{A}^0 \mathbf{A}^{0T}]^{-1} \mathbf{A}^0) \nabla J(\mathbf{x})$$

où \mathbf{Id} est la matrice identité.

On remarque tout d'abord que, avec les paramètres choisis ici, la matrice $[\mathbf{A}^0 \mathbf{A}^{0T}]^{-1}$ est toujours égale à l'identité, ce qui évite de calculer une inversion de matrice.

On remarque également que les contraintes étant portées par des axes de la base des 5 paramètres, le calcul de $(\mathbf{Id} - \mathbf{A}^{0T} \mathbf{A}^0) \nabla J(\mathbf{x})$ revient simplement à annuler les composantes d'indice l^0 du vecteur $\nabla J(\mathbf{x})$. Autrement dit, au point \mathbf{x} , la recherche des contraintes saturées (i.e. de l^0) nous permet directement d'obtenir la direction de descente par annulation des composantes de $\nabla J(\mathbf{x})$ d'indice l^0 .

Notons cependant un inconvénient de la méthode classique du gradient projeté : lorsque que le gradient $\nabla J(\mathbf{x})$ nous conduit hors de l'une des contraintes saturées, il est *quand même projeté sur l'hyperplan défini par cette contrainte saturée*¹.

Pour résoudre ce problème de descente systématique le long des contraintes saturées, l'ensemble l^0 utilisé ici est l'ensemble constitué des indices des contraintes saturées au point \mathbf{x} dont le gradient conduit dans le domaine non acceptable :

$$l^0(\mathbf{x}) = \{j \mid \mathbf{a}_j \cdot \mathbf{x} = \mathbf{b}_j \text{ et } \mathbf{a}_j \cdot \nabla J(\mathbf{x}) > 0\}.$$

Ainsi, seules les composantes du gradient nous amenant dans la mauvaise direction sont projetées sur les contraintes.

Une fois la direction \mathbf{d} trouvée, on recherche le pas maximal autorisé μ_{\max} : pour chaque contrainte i , on calcule le pas maximal μ_{\max}^i qui nous amène sur la contrainte i :

$$\mathbf{x}' = \mathbf{x} + \mu_{\max}^i \mathbf{d},$$

or si \mathbf{x}' est sur la contrainte i , on a :

$$0 = \mathbf{a}_i \cdot \mathbf{x}' = \mathbf{a}_i \cdot \mathbf{x} + \mu_{\max}^i \mathbf{a}_i \cdot \mathbf{d}$$

ce qui donne accès à μ_{\max}^i si $\mathbf{a}_i \cdot \mathbf{d}$ est non nul. Si ce produit scalaire est nul, la direction de descente est alors parallèle à la contrainte i , et donc $\mu_{\max}^i = \infty$.

¹ L'intérêt de ce type de projection systématique dans le cas classique, est que l'ensemble l^0 ne diffère au plus que d'un élément d'une itération à l'autre de l'algorithme, et ainsi, l'inversion de la matrice $[\mathbf{A}^0 \mathbf{A}^{0T}]$ peut se faire à partir de l'inverse de cette même matrice calculée à l'itération précédent [Minoux, 1983]. Ici, cette matrice étant toujours l'identité, cette astuce de calcul n'est pas utile.

On définit alors

$$\mu_{\max} = \min_i \mu_{\max}^i$$

Le nouveau point \mathbf{x}' est alors obtenu par minimisation unidimensionnelle en μ de la fonction $J(\mathbf{x} + \mu \mathbf{d})$ sur l'intervalle $[0, \mu_{\max} \mu_{\max}]$. Cette optimisation est réalisée par une dichotomie rapide car son exactitude n'est pas indispensable [Minoux, 1983].

L'algorithme est donc le suivant :

- (1) À l'itération $k = 0$ on est en \mathbf{x}^0
- (2) À l'itération courante k on est en \mathbf{x}^k ; on détermine pour ce point l'ensemble $I^0(\mathbf{x}^k)$
- (3) On calcule la direction de descente \mathbf{d} telle que :

$$\mathbf{d}_i = \nabla J_i(\mathbf{x}^k) \text{ si } i \notin I^0(\mathbf{x}^k), \quad \mathbf{d}_i = 0 \text{ sinon.}$$
 Si $\mathbf{d} = \mathbf{0}$ (la direction de descente est nulle) aller en (6)
- (4) On détermine le pas maximal autorisé μ_{\max}
- (5) Puis on détermine $\mathbf{x}^{k+1} = \mathbf{x}^k + \mu \mathbf{d}$ tel que $J(\mathbf{x}^{k+1}) < J(\mathbf{x}^k)$ par une recherche de μ sur l'intervalle $[0, \mu_{\max}]$.
Si $k < K_{\max} = 100$ et si $|\mathbf{x}^{k+1} - \mathbf{x}^k| > 10^{-10}$ aller en (2) sinon aller en (6).
- (6) \mathbf{x}^k est satisfaisant.

Après cette première optimisation du 1^{er} ordre, on effectue une seconde optimisation avec un algorithme du second ordre, qui est plus efficace pour la convergence finale.

II Algorithme de BFGS projeté

Cet algorithme est proposé dans [Minoux, 1983]. Il consiste à introduire dans le calcul de la direction d'optimisation *une approximation de l'inverse \mathbf{H} du Hessien de J* . Cet algorithme est beaucoup plus rapide que le précédent : en effet, dans celui-ci, les variables sont modifiées proportionnellement au gradient de la fonction de coût, donc ces modifications tendent vers zéro lorsque l'on s'approche d'un minimum, ou lorsque l'on se trouve sur un plateau, de la fonction de coût.

Ainsi la seule différence avec l'algorithme précédent réside dans le calcul de la direction \mathbf{d} . À l'itération k ; celle-ci s'écrit :

$$\mathbf{d}_i = \mathbf{H}^k \nabla J_i(\mathbf{x}^k) \quad \text{si } i \notin I^0(\mathbf{x}^k), \quad \mathbf{d}_i = 0 \text{ sinon.}$$

où \mathbf{H}^k est l'approximation de l'inverse du hessien à l'itération k donnée par la formule suivante :

$$\mathbf{H}^k = \mathbf{H}^{k-1} + \left[1 + \frac{\mathbf{y}_k^T \mathbf{H}^k \mathbf{y}_k}{\delta_k^T \mathbf{y}_k} \right] \frac{\delta_k \delta_k^T}{\delta_k^T \mathbf{y}_k} - \frac{\delta_k \mathbf{y}_k^T \mathbf{H}^k + \mathbf{H}^k \mathbf{y}_k \delta_k^T}{\delta_k^T \mathbf{y}_k}$$

avec $\mathbf{y}_k = \nabla J(\mathbf{x}^{k+1}) - \nabla J(\mathbf{x}^k)$ et $\delta_k = \mathbf{x}^{k+1} - \mathbf{x}^k$

Comme précisé dans [Minoux, 1983], cette approximation nécessite des réinitialisations périodiques avec la matrice identité.

III Conclusion

Les algorithmes proposés ici sont des algorithmes très classiques en optimisation non linéaire. Nous les avons cependant adaptés afin de réduire la quantité de calculs et d'accélérer la vitesse de convergence, ce qui a été rendu possible par des choix judicieux des paramètres de la fonction bosse.

Pour l'algorithme de GOFr avec des gaussiennes ou des bosses (chapitre 6.II.4 et III.2), nous considérons deux espaces différents : celui des variables, appelé également *représentation temporelle*, et celui des observations, appelé *représentation vectorielle*. Ainsi, le signal à modéliser à l'itération i est l'erreur entre le signal original et le modèle construit avec les $i-1$ régresseurs par l'algorithme de GOFr ; ce signal est noté \mathbf{E}^i .

La sélection de la bosse suivante (m_i), qui permet de poursuivre la modélisation, se fait dans l'espace orthogonal aux régresseurs déjà sélectionnés d'indice (m_1, m_{i-1}). Dans cet espace, le signal à modéliser est \mathbf{S}^i qui est le signal représentant l'ECG qui a été orthogonalisé à chaque itération $j < i$.

En théorie, \mathbf{S}^i devrait être calculé à partir de \mathbf{E}^i , puisque \mathbf{S}^i est la partie de \mathbf{E}^i qui se trouvant dans l'orthogonal des régresseurs d'indice (m_1, m_{i-1}).

En pratique, nous ne recalculons pas \mathbf{S}^i de cette manière. Nous nous contentons de calculer \mathbf{S}^i à partir de \mathbf{S}^{i-1} par orthogonalisation par rapport au régresseur ajusté $\mathbf{B}_{m_i}^*$ (Chapitre 6, équation 27).

On peut évaluer la qualité de cette approximation de \mathbf{S}^i par rapport à son estimation exacte et montrer qu'elle est satisfaisante dans tous les cas: en effet, la plus grande erreur quadratique moyenne entre \mathbf{S}^i et \mathbf{E}^i , qui s'observe à la fin de l'algorithme de sélection-apprentissage des bosses, c'est-à-dire pour $i=6$, est un ordre de grandeur inférieur à l'erreur quadratique moyenne de modélisation. Ceci est illustré par les Figures 1 et 2.

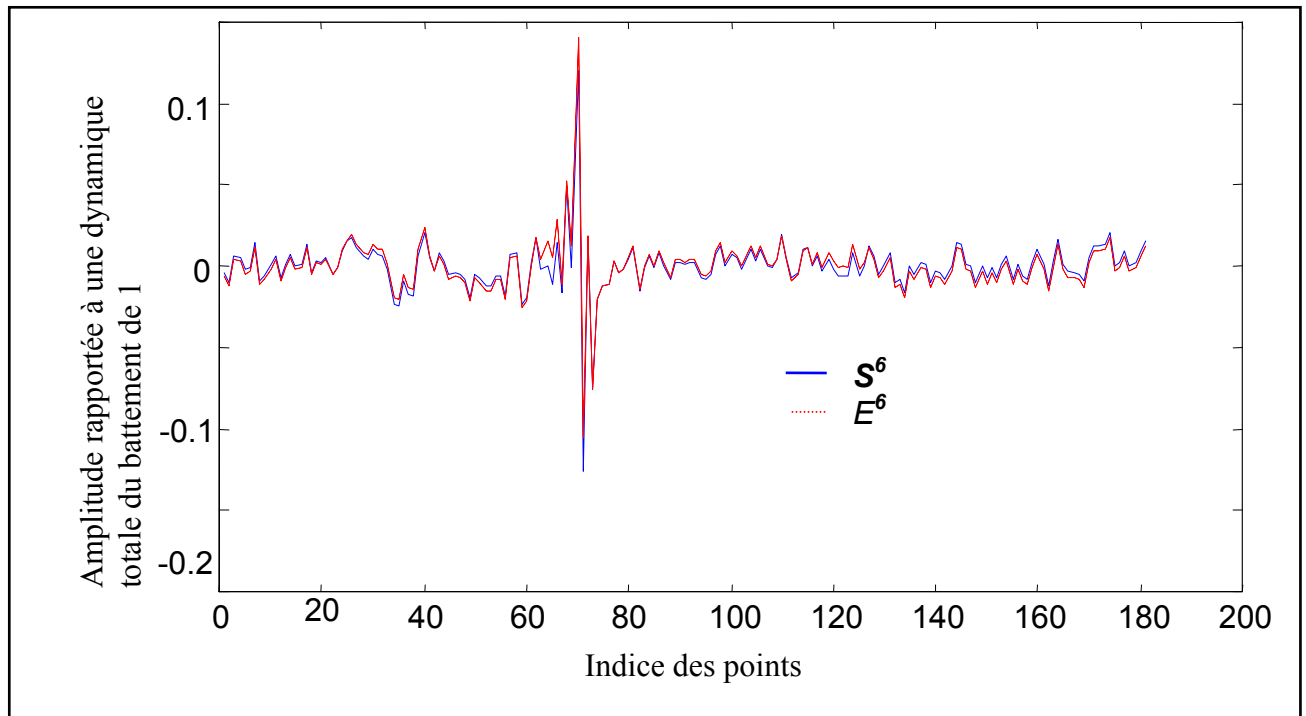


Figure 1 : Tracé des signaux S^6 et E^6 après l'apprentissage de 6 bosses. Les deux signaux sont quasiment superposés ; ils ont une différence quadratique moyenne de l'ordre de 1.10^{-5} . L'erreur de modélisation pour ce battement est de 3.10^{-4} .

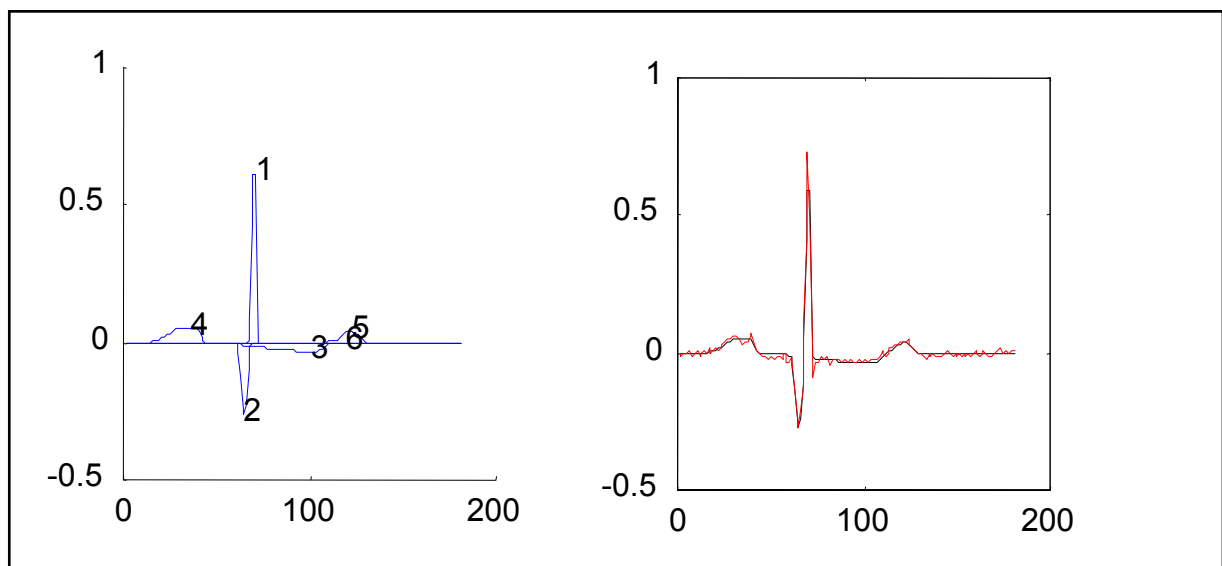


Figure 2 : Modèle en bosses d'un battement normal. L'erreur quadratique moyenne de modélisation est de 3.10^{-4} .

On présente ici les résultats de l'algorithme d'agrégation exposé au chapitre 7. Il a été testé sur les enregistrements de 30mn de la base MIT.

Pour juger de la qualité deux critères sont retenus :

- *l'homogénéité des familles* : on souhaite rassembler les battements de même origine,
- *le nombre de familles total*.

La meilleure classification suivant ces critères est celle qui fournit finalement :

- une famille pour les battements normaux,
- une famille par type d'extrasystole ventriculaire,
- et éventuellement quelques familles supplémentaires pour des battements de formes atypiques (anormalement larges par exemple).

Pour rappel, chaque enregistrement est traité par paquets de 1200 battements (~20mm), c'est-à-dire que tous les 1200 battements, les familles sont réinitialisées ; en conséquence, le cardinal maximum d'une famille est de 1200.

Les résultats sont présentés dans le tableau 1 :

- *Nt* : nombre total de battements analysés,
- *Nnc* : nombre de battements non classés : les deux voies d'enregistrements sont jugées trop bruitées pour que le battement puisse être valablement analysé.
- *Ns* : nombre de paquets de 1200 battements,
- *N1v* : nombre de familles « 1 voie » créées : une des deux voies est trop bruitée pour être analysée, la mise en famille ne s'est donc effectuée qu'à partir de la voie disponible.
- *N2v* : nombre de famille « 2 voies » créées,
- *NE1v* : nombre d'erreurs de classification pour les battements classés sur 1 voie : correspond au nombre de battements d'origine sinusale classés dans une famille ventriculaire ou inversement.
- *NE2v* : nombre d'erreurs de classification pour les battements classés sur 2 voies,

- *Err* : correspondant au pourcentage des erreurs cumulées de classification 1 voie et 2 voies :

$$Err = \frac{(NE1v + NE2v)}{Nt - Nnc} \cdot 100$$

- *Errc* : taux d'erreur corrigé. Les labels de la base MIT sont plus riches que la simple distinction *N/V*. Par exemple, on trouve le label *F* qui correspond à des battements de fusion entre un battement normal et un battement ventriculaire. Ces battements sont parfois de formes identiques aux battements normaux, et parfois de formes identiques aux battements ventriculaires (Figure 1); l'algorithme ne fait pas cette distinction ici, car les paramètres qu'il utilise pour la classification ne sont pas pertinents pour permettre une telle séparation. De même, le label *J* correspond aux battements ayant pour origine une décharge du nœud auriculo-ventriculaire (AV) (c.f. Chapitre 2.II.2.1) ; excepté l'absence de l'onde P, la forme de la dépolarisation ventriculaire est identique à une dépolarisation normale, d'origine sinusale : il est donc normal que l'algorithme de classification rassemble de tels battements avec les battements normaux. Ainsi pour chaque battement mal classé étiqueté dans la base par *F*, *J*, *e*, *j*, *a*¹, on a vérifié le classement et ainsi calculé le taux corrigé *Errc*.

¹ Les principaux labels de la base MIT sont les suivants : *N* : battement normal ; *A* : battement auriculaire prématuré ; *a* : battement auriculaire prématuré isolé ; *J* : battement prématuré jonctionnel ; *S* : extrasystole supraventriculaire ; *V* : extrasystole ventriculaire ; *F* : battement de fusion entre une extrasystole ventriculaire et battement normal ; *j* : battement d'échappement jonctionnel.

Nom	Nt	Nnc	Ns	N1v	NE1v	N2v	NE2v	Err	Errc
MIT_100	2268	0	2	1	0	7	0	0%	0%
MIT_101	1863	30	2	4	0	0	0	0%	0%
MIT_103	2080	10	2	3	0	18	0	0%	0%
MIT_105	2593	244	3	47	4	10	0	0,17%	0,17%
MIT_106	2032	45	2	45	5	52	0	0,25%	0,25%
MIT_107	2131	3	2	21	3	41	0	0,14%	0,14%
MIT_108	1764	178	2	30	3	40	0	0,19%	0,06%
MIT_109	2528	2	3	9	1	24	0	0,04%	0,04%
MIT_111	2119	11	2	13	0	17	0	0%	0%
MIT_112	2535	15	3	10	0	10	0	0%	0%
MIT_113	1788	42	2	9	1	6	1	0,11%	0,11%
MIT_114	1874	4	2	4	0	19	3	0,16%	0,05%
MIT_115	1950	11	2	4	0	4	0	0%	0%
MIT_116	2409	25	3	7	0	10	0	0%	0%
MIT_117	1531	9	2	1	0	16	0	0%	0%
MIT_118	2273	1	2	6	0	20	0	0%	0%
MIT_119	1984	2	2	7	0	6	0	0%	0%
MIT_121	1859	39	2	6	0	12	0	0%	0%
MIT_122	2472	4	3	3	0	4	0	0%	0%
MIT_123	1514	0	2	1	0	17	0	0%	0%
MIT_124	1615	16	2	6	0	19	3	0,19%	0,06%
MIT_200	2599	71	3	40	9	25	0	0,36%	0,36%
MIT_201	1938	6	2	19	1	23	2	0,16%	0,16%
MIT_202	2133	2	2	11	0	16	0	0%	0%
MIT_203	3044	541	3	129	79	69	18	3,88%	3,2%
MIT_205	2652	40	3	15	3	8	0	0,11%	0%
MIT_207	2257	446	2	40	8	33	0	0,44%	0,28%
MIT_208	2936	105	3	37	104	24	20	4,38%	1,94%
MIT_209	2998	39	3	11	1	13	0	0,03%	0,03%
MIT_210	2642	85	3	43	6	46	3	0,35%	0,35%
MIT_212	2744	23	3	15	0	15	0	0%	0%
MIT_213	3246	21	3	18	25	31	201	7,01%	1,09%
MIT_214	2258	21	2	20	2	39	0	0,09%	0,04%
MIT_215	3359	18	3	17	1	29	0	0,03%	0,03%
MIT_219	2150	99	2	10	5	33	36	2%	2%
MIT_220	2044	0	2	2	0	3	0	0%	0%
MIT_221	2425	17	3	16	0	20	0	0%	0%
MIT_222	2486	145	3	16	0	15	0	0%	0%
MIT_223	2601	31	3	18	37	41	23	2,33%	2,22%
MIT_228	2048	3	2	22	0	28	0	0%	0%
MIT_230	2252	0	2	4	0	49	0	0%	0%
MIT_231	1564	0	2	3	0	6	0	0%	0%
MIT_232	1782	4	2	15	0	31	0	0%	0%
MIT_233	3074	57	3	35	3	49	5	0,27%	0,03%
MIT_234	2748	20	3	6	0	12	0	0%	0%
TOTAL	103162	2485	-	799	301	1010	315	0,61%	0,31 %

Tableau 1 : Résultat de la mise en famille sur la base MIT.

I Battement de fusion (label F)

Comme mentionné plus haut, un certain nombre de battements de la base MIT sont étiquetés *F*. Ce sont des battements de fusion, c'est-à-dire des battements qui « mélangent » une extrasystole ventriculaire et une dépolarisation supraventriculaire. Pour le taux d'erreur *Err*, ces battements sont systématiquement étiquetés comme erreurs de classification dès lors qu'ils sont mélangés avec des battements étiquetés *N* ou *V*. Pour calculer le taux d'erreur corrigé, nous avons regardé une à une ces erreurs pour valider ou non la réponse de l'algorithme.

La Figure 1 montre deux battements étiquetés *F* de l'enregistrement 213. D'après le tableau 1, cet enregistrement comporte 201 erreurs de classification pour les familles « 2 voies ». En fait, on constate que les résultats de la classification sont en réalité corrects par rapport à la classification attendue.

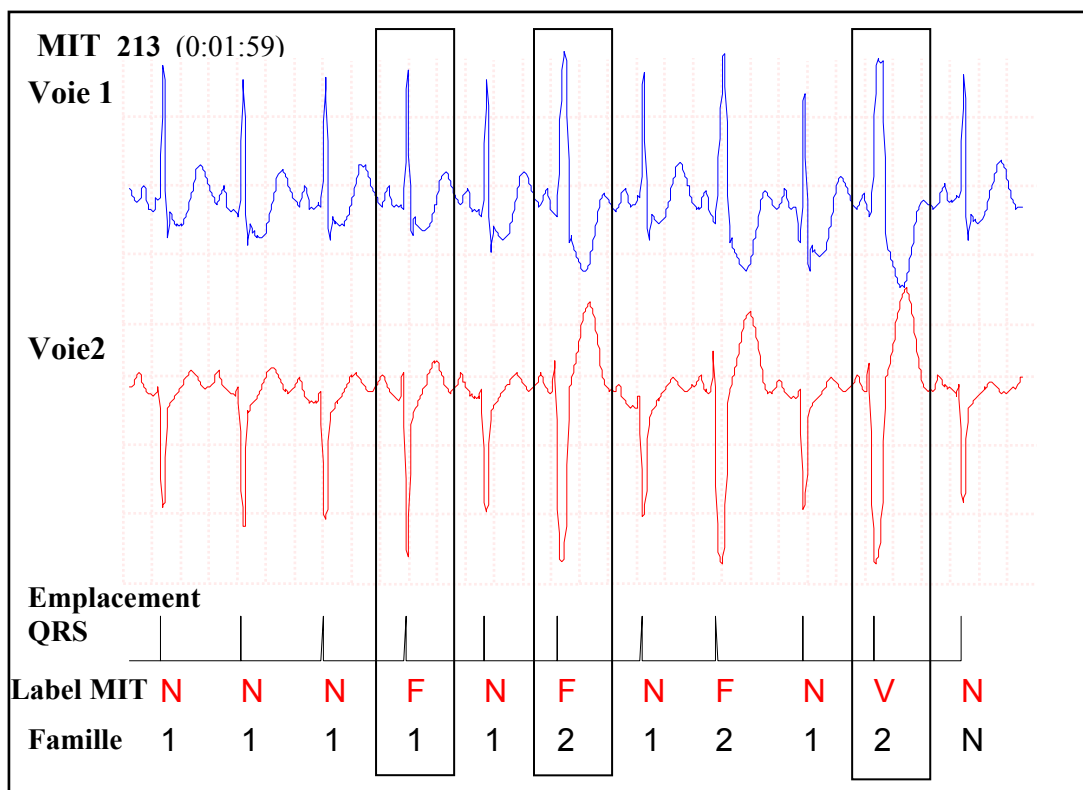


Figure 1 : Les battements étiquetés *F* sont des battements de fusion, c'est-à-dire « mélangeant » un battement d'origine sinusal avec une dépolarisation ventriculaire. Pour le taux d'erreur *Err*, ces battements sont comptabilisés comme mal classés, cependant ici, il est correct d'associer le premier battement *F* avec la famille 1 (battements normaux) et le deuxième avec la famille 2 (extrasystoles ventriculaires). Le taux d'erreurs corrigé *ERRC* tient compte de telles corrections.

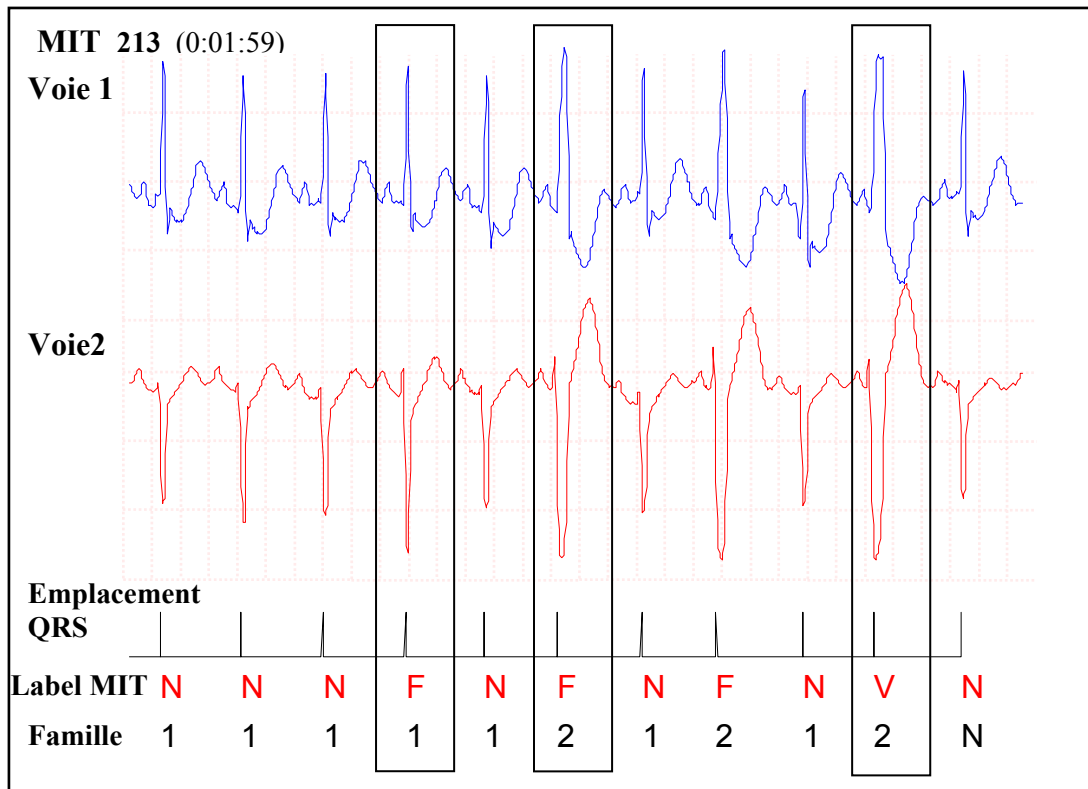


Figure 1 : Les battements étiquetés **F** sont des battements de fusion, c'est-à-dire « mélangeant » un battement d'origine sinusal avec une dépolarisation ventriculaire. Pour le taux d'erreur **Err**, ces battements sont comptabilisés comme mal classés, cependant ici, il est correct d'associer le premier battement **F** avec la famille 1 (battements normaux) et le deuxième avec la famille 2 (extrasystoles ventriculaires). Le taux d'erreurs corrigé **Errc** tient compte de telles corrections.

II Erreurs de classification

II.1 Analyse sur une voie unique

Lors de l'analyse, certaines voies d'enregistrement peuvent être écartées pendant quelques battements. L'analyse, pendant ce temps, continue sur les voies restantes.

Lorsque, sur la base MIT, une voie est trop bruitée, il ne reste donc plus qu'une seule voie pour effectuer la classification, et la distinction *N/V* sur une seule voie s'avère parfois difficile. De nombreuses erreurs de classification proviennent précisément de classifications réalisées sur 1 voie (*NE1v*) (Figure 2 et 3).

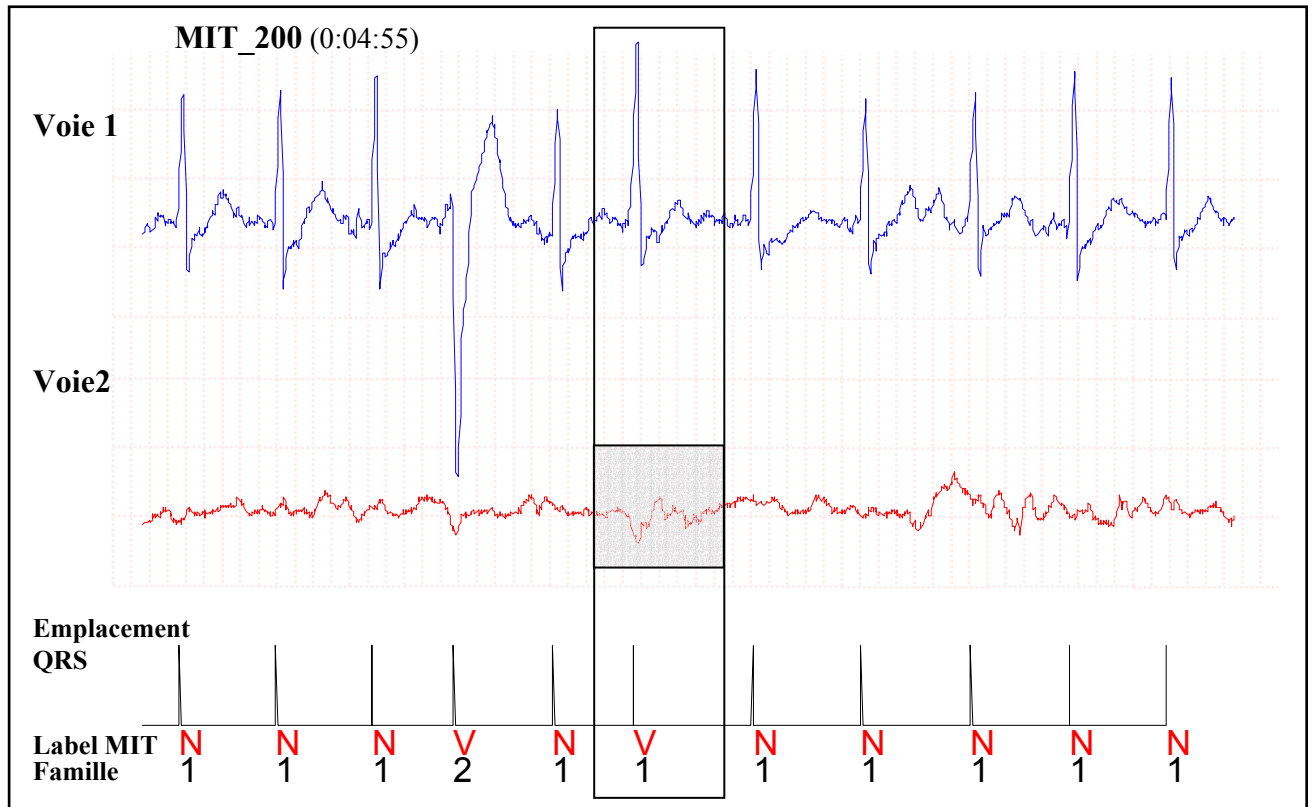


Figure 2 : La voie 2 étant très bruitée, elle ne participe pas à l'analyse. L'erreur de classification est difficilement évitable sur cet exemple.

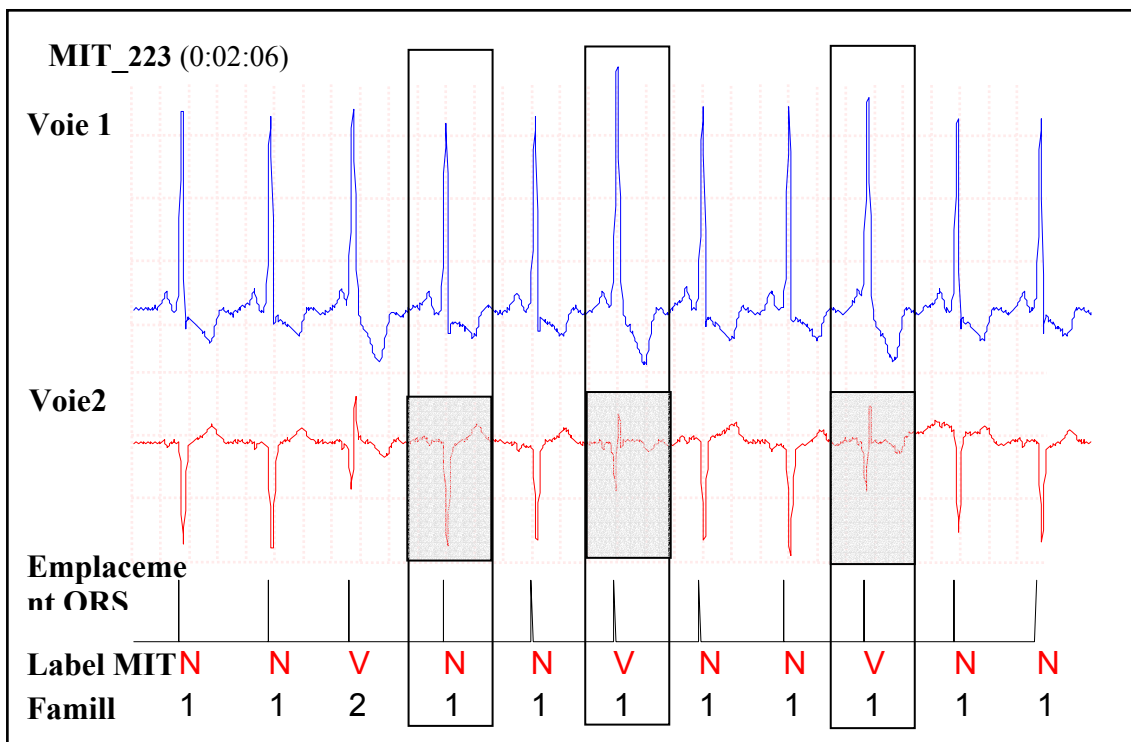


Figure 3 : La voie 2 est, ici encore, exclue de l'analyse à cause de larges variations de la ligne de base non représentées ici. Au regard de la seule voie 1, il est difficile d'effectuer correctement la distinction N/V.

II.2 Erreur en 2 voies

Nous présentons ici un type d'erreur heureusement peu fréquent : sa contribution au taux d'erreur n'est pas très élevée (environ 40 erreurs au total sur l'ensemble de la base MIT). Cette erreur correspond à un battement mal classé à cause du calcul des distances : celui-ci révèle que ce battement est plus proche d'une famille d'un label différent que d'une famille dont le label lui conviendrait mieux. Bien que rare, une erreur de ce type est définitive, car elle ne pourra être corrigée dans la suite de l'algorithme tel que nous l'avons construit. Au regard de l'ecg Figure 4, on comprend la difficulté à bien classer le deuxième battement encadré, celui-ci étant très proche sur la voie 1 du battement de la famille 2, les intervalles RR sont également identiques, et l'angle de l'axe ACP quasiment dans la même direction. Seule la voie 2 permet ici de distinguer ces deux familles. Une méthode à terme pour résoudre ce type d'erreur pourrait être de repérer pour chacune des familles les éléments qui la distinguent réellement des autres pour lui donner plus d'importance dans le critère de décision.

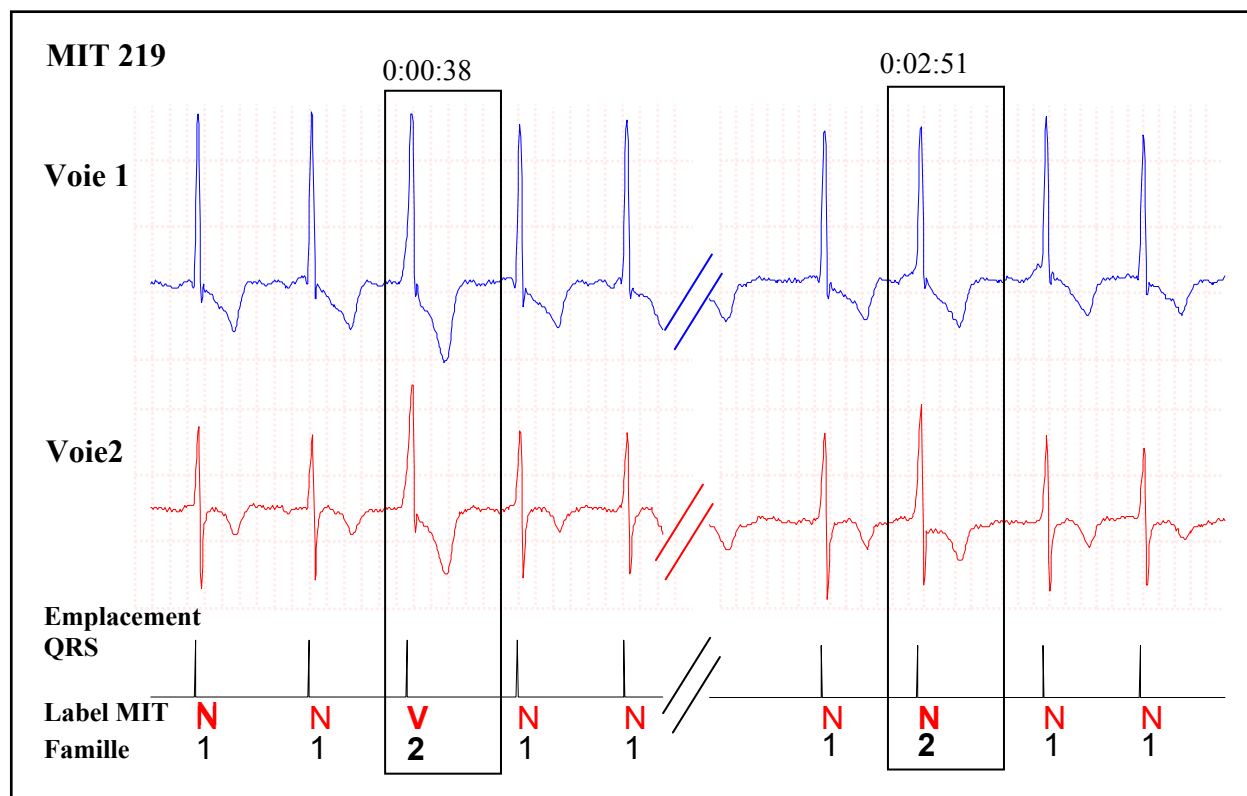


Figure 4 : Une battement normal a été associé à une famille de battements ventriculaires. La distance calculée entre ce battement et la famille 2 est en effet plus faible que la distance entre ce battement et la famille 1.

Les familles de battements sont représentées par un prototype qui a été modélisé en bosses par l'algorithme présenté au chapitre 6. Afin d'associer à chacune de ces familles un label N ou V en fonction du type de battements qu'elle représente, il est indispensable de repérer l'onde R pour analyser sa forme.

Le réseau de neurones que nous présentons ici effectue cette tâche. Il fournit la probabilité qu'une bosse B de paramètres $\mathbf{x} = [{}^1\sigma, {}^2\sigma, {}^L\sigma, \mu, A]^T$ modélise une onde R. En appelant C_R la classe des bosses modélisant une onde R, le réseau calcule $P_{RN}(C_R | \mathbf{x})$ qui est une estimation de $P(C_R | \mathbf{x})$.

I Architecture du réseau

Le réseau est un perceptron multicouche possédant une couche de neurones cachés dont le nombre N_{CC} est à déterminer. Les entrées du réseau sont au nombre de 6 : les 5 paramètres de la bosse (vecteur \mathbf{x}) et un biais. La sortie est un neurone unique (Figure 1).

Les fonctions d'activation des neurones cachés et du neurone de sortie sont des sigmoïdes.

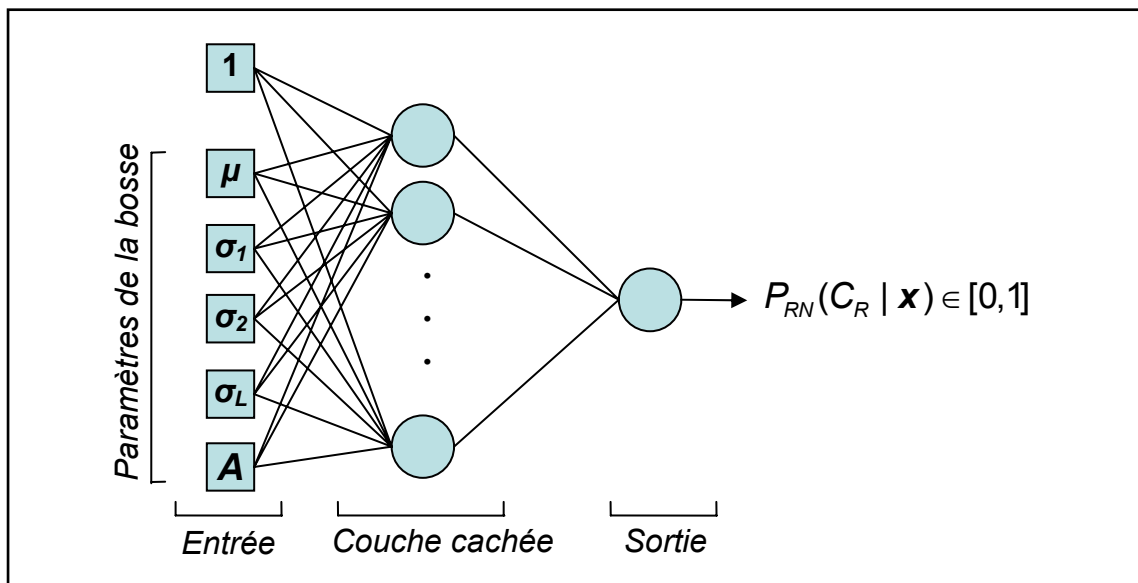


Figure 1 : Architecture du réseau de neurones utilisé pour le repérage des bosses qui modélisent les ondes R. Il permet de calculer $P_{RN}(C_R | \mathbf{x})$, qui constitue une estimation de la probabilité pour qu'une bosse caractérisée par les paramètres \mathbf{x} soit une bosse qui modélise l'onde R. Le nombre de neurones cachés est un paramètre du réseau à déterminer.

II Base d'apprentissage et base de test

La base MIT a permis la création de deux bases de données : une pour l'apprentissage, l'autre pour le test.

Chaque enregistrement de la base a été analysé : nous avons utilisé notre algorithme de mise en famille présenté au chapitre 7 pour rassembler les battements identiques. Nous disposons donc, pour chaque enregistrement, d'un certain nombre de famille ; chacune d'elle est modélisée en bosses.

Pour chacune de ces familles, nous avons annoté les bosses modélisant l'onde R. La base MIT comprend 9037 bosses, dont 1920 modélisent une onde R.

La base d'apprentissage est donc constituée de la moitié des 1920 bosses modélisant une onde R, soit 960 et d'autant de bosses ne modélisant pas une onde R. Le total *d'exemples* de la base d'apprentissage est donc de $N_p = 1920$.

Le reste des bosses est utilisé pour le test : soit 960 bosses modélisant une onde R et 7117 bosses ne modélisant pas une onde R.

III Déroutement de l'apprentissage

L'apprentissage est réalisé par la minimisation d'une fonction de coût choisie ici comme l'erreur quadratique moyenne^L sur la sortie : chaque bosse k modélisant une onde R se voit attribuer la valeur de sortie désirée $L(k)=1$, les autres bosses ayant la valeur désirée $L(k)=0$.

La fonction de coût s'écrit de la manière suivante :

$$J(\theta) = \frac{1}{N_p} \sum_{k=1}^{N_p} (L(k) - P_{RN}(C_R | \mathbf{x}^k))^2$$

^L Il existe d'autres fonctions de coût possible pour les problèmes de classification comme l'entropie croisée par exemple [Dreyfus, 2002], [Bishop, 1995]. Cette dernière a été également testée, mais, suite aux expériences effectuées, les résultats s'avèrent dans notre cas moins intéressants. En outre un avantage d'utiliser l'erreur quadratique moyenne comme fonction de coût est de permettre l'utilisation de l'algorithme de Levenberg-Marquardt, particulièrement efficace pour l'apprentissage [Levenberg, 1944]

où θ est le vecteur des *paramètres du réseau* (les poids entre les unités qui le constituent), \mathbf{x}^k le vecteur des *paramètres de la bosse* d'indice k , et N_p le nombre total de bosses de l'ensemble d'apprentissage, soit $N_p = 1920$.

La minimisation de la fonction J est réalisée par ajustement des paramètres θ du réseau par l'algorithme de Levenberg-Marquardt [Levenberg, 1944], [Dreyfus, 2002].

IV Résultats de l'apprentissage

Afin de déterminer le nombre optimal de neurones cachés (Ncc) nous allons effectuer des apprentissages pour différentes architectures : pour chacune des architectures, nous effectuons 30 initialisations différentes des paramètres, ce qui conduit à 30 modèles par architecture.

Une base de validation nous permet de choisir parmi l'ensemble de ces architectures celle qui est la plus adaptée à notre problème.

IV.1 Critère de mesure de la qualité de l'apprentissage

La qualité de l'apprentissage est mesurée par le nombre de bosses de la base *bien classées*, *mal classées* et *non classées*, d'après un critère fondé sur la valeur de la probabilité en sortie du réseau.

- Si $P_{RN}(C_R | \mathbf{x}) > 0,8$ alors la bosse de paramètre \mathbf{x} est classé comme appartenant à C_R .
- Si $0,2 < P_{RN}(C_R | \mathbf{x}) < 0,8$ alors la bosse n'est pas classée.
- Si $P_{RN}(C_R | \mathbf{x}) < 0,2$ alors la bosse est classée comme n'appartenant pas à C_R .

Les résultats pour ce type de décision sont présentés dans le paragraphe suivant (Figure 2 – Critère 1). Cependant, nous avons deux hypothèses supplémentaires qui peuvent compléter notre arbre de décision: d'une part, on suppose que chaque prototype possède au moins une bosse qui modélise l'onde R^{L1} ; d'autre part on suppose que deux bosses au plus, parmi les six qui modélisent le battement, modélisent l'onde R (dans le cas d'un complexe biphasique ou

^{L1} Ce qui correspond à une réalité physiologique dans tous les cas, sauf situation pathologique rarissime évoquée en note II au chapitre 8

d'un bloc de branche par exemple). Ainsi, on peut établir un deuxième critère (critère 2) de décision, fondé sur une étude comparative des probabilités des six bosses modélisant le battement :

- Si, parmi les six bosses, au moins deux ont une probabilité supérieure à 0,6 de modéliser une onde R, alors les deux plus probables sont affectées à la classe C_R ; les autres sont classées comme n'appartenant pas à C_R .
- Si une seule bosse présente une probabilité $P_{RN}(C_R | \mathbf{x})$ supérieure à 0,6 alors elle seule est affectée à C_R .
- Si aucune bosse ne se voit attribuer de probabilité supérieure à 0,6, mais que plusieurs bosses possèdent une probabilité supérieure à 0,1 alors les deux plus probables sont affectées à la classe C_R ; les autres sont classées comme n'appartenant pas à C_R .
- Dans tous les autres cas, la bosse qui a la probabilité la plus élevée est affectée à C_R .

C'est ce second critère de décision qui a été finalement retenu (Figure 2 – Critère2) car l'introduction de connaissance à ce niveau conduit à de meilleurs résultats.

IV.2 Résultats sur la base d'apprentissage

Pour un nombre de neurones cachés N_{cc} fixé, nous avons réalisé 30 apprentissages successifs avec des initialisations différentes des paramètres du réseau.

La Figure 2 ci-dessous présente les résultats sur la base d'apprentissage de la meilleure initialisation des poids du réseau pour N_{cc} compris entre 1 et 15^{LII}.

^{LII} Pour $N_{cc}=15$ neurones cachés, le réseau est constitué de 105 paramètres ajustables, ce qui est acceptable compte tenu de la taille de la base d'apprentissage : 1920 exemples [Dreyfus, 2002].

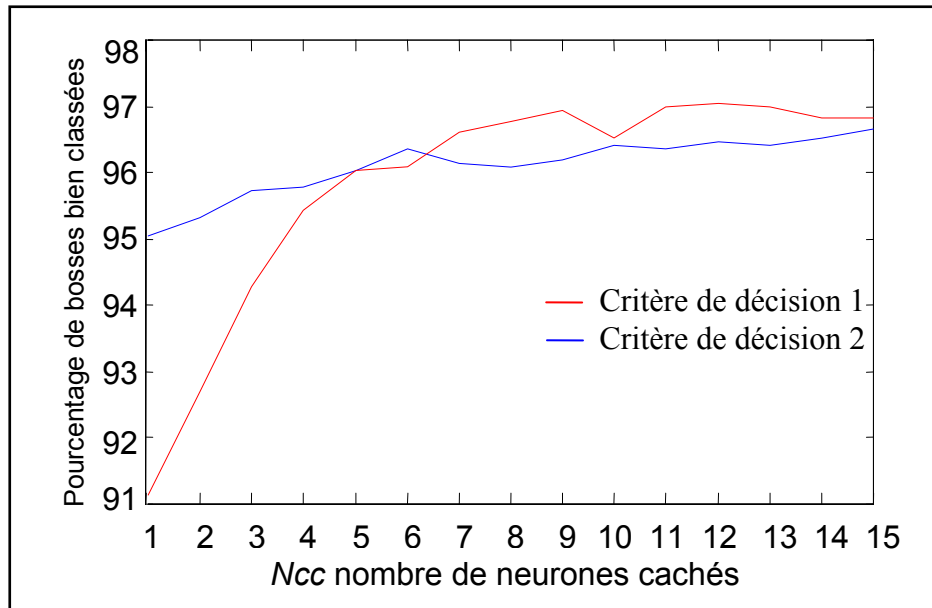


Figure 2 : Pour chaque architecture (N_{cc} fixé entre 1 et 15), 30 initialisations et autant d'apprentissages ont été réalisés. Le meilleur d'entre eux pour chaque N_{cc} est présenté ici. La qualité a été jugée suivant les deux critères de décision présentés ci-dessus.

Nous sélectionnons ici le meilleur réseau pour N_{cc} fixé parmi les 30 initialisations des poids. On constate que plus le nombre de neurones cachés est important, plus le nombre de d'exemples bien classés (quel que soit le critère de décision) est grand car le réseau, grâce au nombre de paramètres croissant se spécialise sur la base d'apprentissage.

Pour éviter ce *surajustement*, nous allons choisir le N_{cc} optimal à partir de la base de validation.

IV.3 Résultats sur la base de validation

La Figure ci-dessous représente les résultats obtenus par les réseaux sélectionnés précédemment sur la base d'apprentissage.

Le meilleur résultat est obtenu pour $N_{cc} = 4$, qui correspond à 97.3% de bosses bien classées.

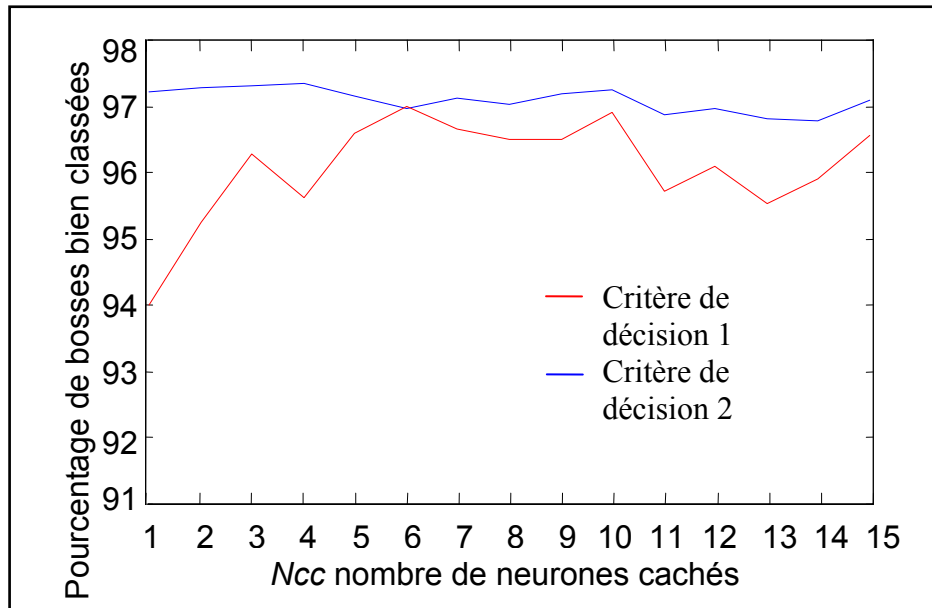


Figure 3 : Résultat des meilleurs réseaux (sélectionnés précédemment) sur la base de validation en fonction du nombre de neurones cachés. La meilleure architecture, selon le critère de décision 2, est celle qui possède 4 neurones cachés.

Cette annexe présente en détail l'arbre de décision qui permet l'association à chacune des familles regroupant les battements d'un label parmi les labels suivants : N , V , L , et $?$.

- N : pour les battements dont l'origine est une dépolarisation supraventriculaire,
- V : pour les extrasystoles ventriculaires,
- L : pour les complexes QRS larges qui ne sont classés ni comme N , ni comme V ,
- $?$: pour les familles qui n'ont pu être associées à aucun des labels précédents.

I Arbre de décision

L'arbre de décision traduit la connaissance experte sur les différents paramètres du représentant d'une famille, paramètres qui sont ici au nombre de 5 :

- 1) la largeur de l'onde R (L_R), qui est définie en fonction des paramètres de la bosse (cf. Chapitre 8 I.1.3 rassemblement des bosses)
- 2) une valeur discrète (M_{RR}) définie ci-dessous, qui rend compte d'une éventuelle rupture locale de rythme,
- 3) une valeur discrète (M_A), également définie ci-dessous, qui rend compte de différences d'amplitudes
- 4) une valeur relative ($L_{RN} = L_R / L_{Réf}$) de la largeur de l'onde R, qui correspond à sa largeur rapportée à la largeur de l'onde R de la famille de référence des battements normaux,
- 5) Une valeur discrète M_C qui traduit la corrélation entre ce battement et le battement normal le plus récent.

I.1 Mesure de la position RR de la famille (M_{RR})

Lors de la création des familles, nous avons mémorisé, pour chacune d'elles, un certain nombre de paramètres, et notamment les intervalles RR du représentant avec le battement qui le suit (RRs) et le battement qui le précède (RRp) ; on mémorise aussi le rythme RR moyen au moment de la création de la famille par ce battement qui en devient le représentant. Un paramètre utile pour la discrimination N/V des battements est la possible rupture locale du rythme lors de l'apparition du battement : les extrasystoles ventriculaires arrivent souvent de manière prématurée par rapport au rythme normal, et sont souvent suivies d'un repos compensateur.

Afin de tenir compte de ces 3 paramètres, nous calculons, pour chaque famille, un nouveau paramètre noté M_{RR} qui possède une valeur entière comprise entre -1 et 3.

Si les intervalles RR , RRs et RRp ont des valeurs très peu différentes (différence relative <15%) on associe à M_{RR} la valeur -1. Inversement dans le cas d'une extrasystole prématurée avec repos compensatoire, la valeur associée à M_{RR} est 3 (Figure 1) ; les valeurs intermédiaires correspondent à des degrés moindres de différences.

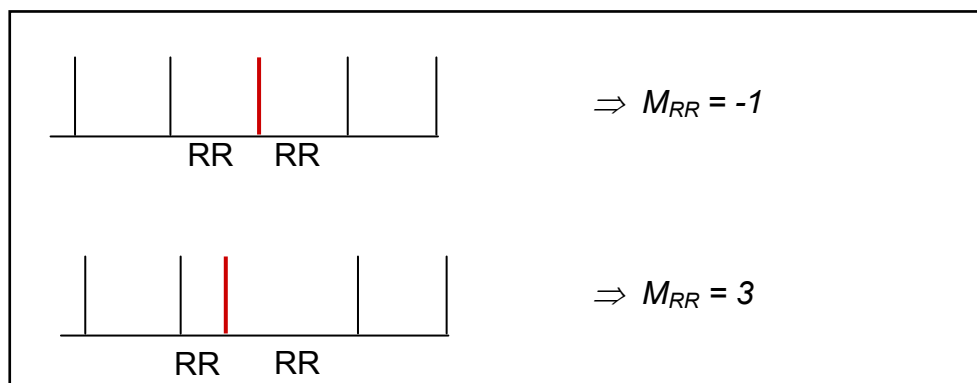


Figure 1 : Mesure de la régularité de la position RR par un nombre entre -1 et 3. Les familles de battements qui ont des intervalles RR irréguliers ont une valeur de M_{RR} élevée, alors que celles qui représentent des battements réguliers ont une valeur faible.

I.2 Mesure des différences d'amplitudes (M_A)

L'amplitude du QRS de part et d'autre de la ligne de base sur chacune des pistes valides de l'enregistrement est également un critère utile pour la séparation N/V lorsqu'on le rapporte à l'amplitude de la famille de référence.

Ainsi, nous calculons les différences d'amplitude par un paramètre M_A prenant une valeur entière dans l'intervalle $[0,4]$.

M_A prend la valeur 0 lorsque, sur l'ensemble des voies valides, les différences d'amplitude avec la famille de référence sont négligeables. Inversement, on attribue à M_A la valeur 4 lorsque les amplitudes sont très différentes (Figure 2).

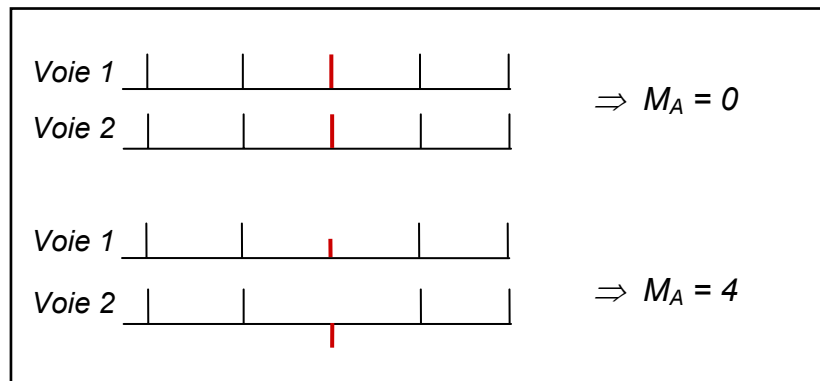


Figure 2 : Une comparaison des amplitudes entre le battement représentant d'une famille et celui de la famille de référence permet de calculer le coefficient M_A , dont la valeur est d'autant plus élevée que le nombre de différences d'amplitudes sur les voies valides sont importantes.

I.3 Mesure discrète de la corrélation

Pour certaines familles, il est difficile de se prononcer directement sur le label (cf. I.4 Décision). Pour prendre la décision, on s'aide d'un calcul de corrélation entre le battement représentant la famille et le battement étiqueté N le plus récent. En fonction du résultat de ce calcul, on attribue au paramètre M_C une valeur entière entre 0 et 3. 0 étant associé aux corrélations supérieures à 0,8 et 3 à celles inférieures à 0.2.

Cette valeur est particulièrement importante car elle permet de s'adapter au contexte du moment.

I.4 Décision

L'algorithme d'attribution des labels se déroule essentiellement en 2 étapes. La première peut être qualifié de *décision absolue* (Figure 3) : une première décision est prise, fondée sur les seuls paramètres absolus, c'est-à-dire sur les paramètres qui ne dépendent pas du patient, ici

L_R et M_{RR} ¹. Par exemple, une famille de battements réguliers, dont la largeur de l'onde R est inférieure à 80 ms [Houghton, 1997] sera automatiquement étiquetée *N*, ou une famille dont le battement représentatif est prématuré, suivi d'un repos compensatoire et dont la largeur de l'onde R est supérieure à 80 ms sera étiquetée *V*.

La deuxième étape, ou *décision relative*, s'applique aux familles qui n'ont pas reçu de label à la première étape (Figure 4). Ici, pour chaque famille non étiquetée, on étudie, outre L_R et M_{RR} , des paramètres relatifs au patient : M_A , L_{RN} , et M_C . Nous avons créé des classes en fonction de la valeur de chacun de ces paramètres à partir de la connaissance médicale dont nous disposons. L'appartenance à ces classes n'est pas exclusive, ainsi on examine les classes une à une, et dès que les paramètres d'une famille correspondent à une classe, le label est associé à la famille.

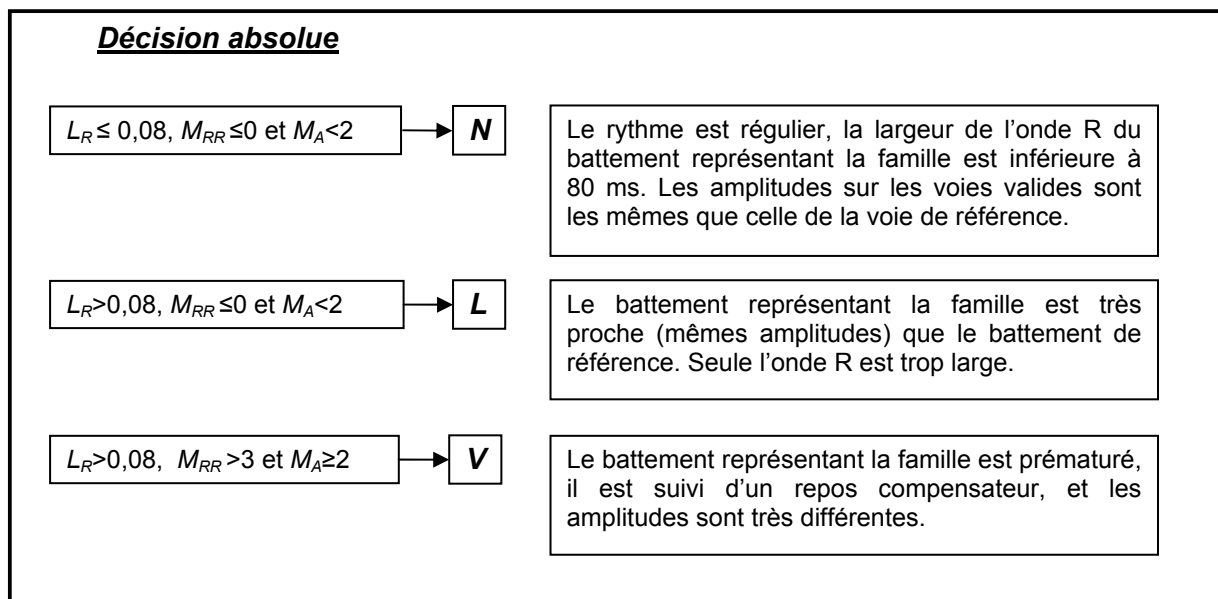


Figure 3 : La décision absolue associe un label aux familles par application de règles sur les critères non ramenés au patient.

¹ Une légère contrainte sur le paramètre M_A est également introduite à ce niveau pour ne pas étiqueter *N* des ESV interpolées dont les projections restent peu larges.

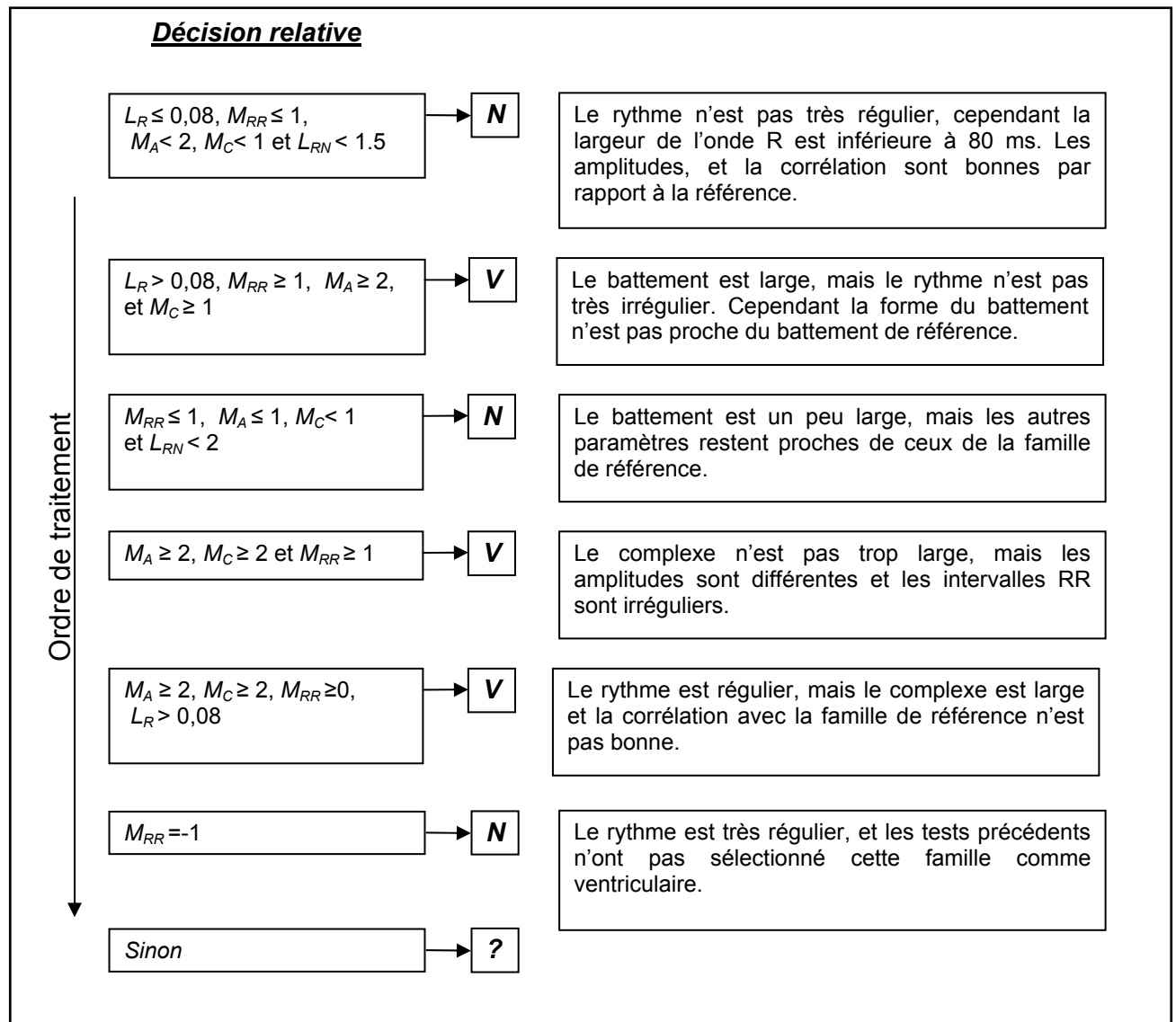


Figure 4 : la décision relative ajoute aux paramètres de décision précédents des paramètres relatifs, ramenés aux patients. Chaque critère est vérifié un à un ; dès qu'un label est trouvé, on passe à la famille suivante.

II Résultats sur les bases MIT et AHA

Les résultats sur les enregistrements de la base MIT sont décrits dans le tableau 1, ceux sur la base AHA dans le tableau 2.

Les grandeurs suivantes sont présentées pour chaque enregistrement :

- *NT* est le nombre de battements présentés à l'algorithme,

- NTe est le nombre de battements que l'algorithme a étiquetés, la différence entre NT et NTe correspond donc au nombre de battements que l'algorithme n'a pas étiquetés car ils ont été exclus soit pendant les phases de détection des QRS, soit lors de l'analyse en composantes principales à cause du bruit trop élevé,
- Ne est le nombre d'erreurs d'étiquetage, où un battement a été étiqueté N alors qu'il est d'origine ventriculaire, ou inversement. Un détail de ces erreurs est donné par les grandeurs qui suivent,
- NVP : correspond aux battements normaux vrais positifs pour le label N , c'est-à-dire les battements dont le label de référence dans la base MIT est N ou A , et également étiqueté N par l'algorithme,
- VVP correspond aux battements étiquetés V dans la base MIT, et également étiqueté V par l'algorithme,
- NFN est le nombre de faux négatifs pour la famille N : battements étiquetés N dans la base, qui n'ont pas été étiquetés N par l'algorithme,
- NFP est le nombre de faux positifs pour la famille V : battements étiquetés N par l'algorithme alors qu'ils n'ont pas ce label dans la base,
- VFN et VFP sont les grandeurs équivalentes pour les familles ventriculaires.

Il est important de noter que les erreurs sont doublement comptabilisées à ce niveau : par exemple, lorsque qu'un battement qui a comme label de référence le label N est étiqueté V par l'algorithme, cette erreur est comptabilisée à la fois par NFN car on n'a pas étiqueté ce battement N alors qu'il a ce label, et par VFP car on a étiqueté ce battement V alors qu'il n'a pas ce label. Les taux de réussite sont donc calculés à partir des colonnes NTe et Ne .

Les deux colonnes suivantes comptabilisent les battements étiquetés L et $?$. La dernière colonne indique pour information le nombre de battements de la base annotés avec le label F correspondant aux battements de fusion. Ces battements ont été classés avec le label N , V , L ou $?$, mais comme le label exact dépend des cas, ils ne sont comptabilisés ni dans le calcul d'erreur, ni dans le calcul de réussite (cf. Annexe D Figure 1).

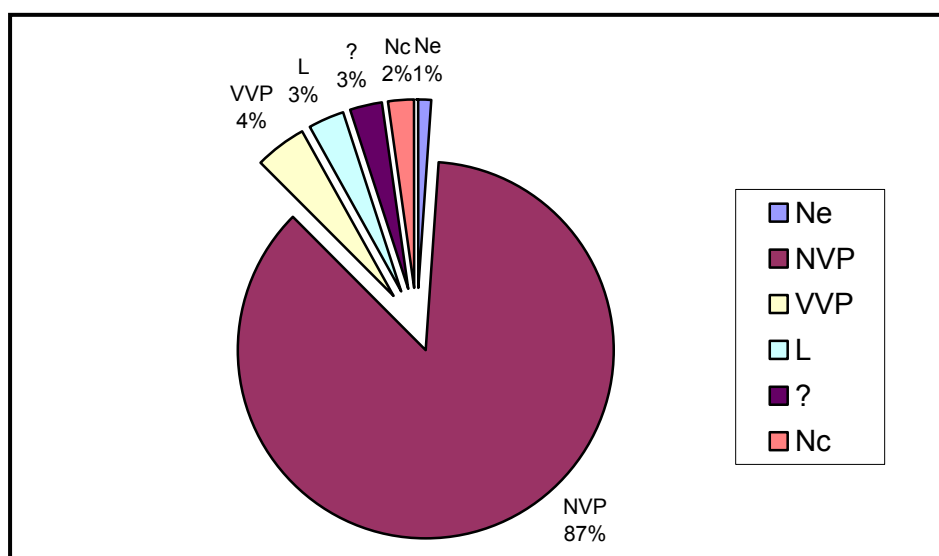


Figure 5 : Synthèse des résultats sur la base MIT pour cent battements. Le taux de réussite pour les labels N et V est de 91%, 3% des battements sont étiquetés avec le label L, 3% avec le label ?, 2% ne sont pas étiquetés et 1% sont mal étiquetés.

NOM	NT	NTe	Ne	NVP	NFN	NFP	VVP	VFN	VFP	L	?	F
MIT_100	2258	2256	0	2255	0	0	1	0	0	0	0	0
MIT_101	1850	1821	3	1819	0	0	0	0	0	0	2	0
MIT_103	2070	2058	0	2047	0	0	0	0	0	0	11	0
MIT_105	2554	2333	53	2240	10	15	2	14	12	15	52	0
MIT_106	2015	1972	27	1463	0	22	377	20	0	10	102	0
MIT_108	1748	1569	9	1124	2	3	11	1	2	245	186	2
MIT_109	2518	2512	1	2460	0	1	16	1	0	15	20	2
MIT_111	2109	2096	0	1832	0	0	0	0	0	251	13	0
MIT_112	2525	2508	0	2507	0	0	0	0	0	0	1	0
MIT_113	1778	1734	4	1728	4	0	0	0	4	0	2	0
MIT_114	1864	1852	0	1808	0	0	40	0	0	0	4	4
MIT_115	1939	1924	1	1923	0	1	0	0	0	0	1	0
MIT_116	2399	2372	0	2263	0	0	95	0	0	0	14	0
MIT_117	1521	1510	0	1510	0	0	0	0	0	0	0	0
MIT_118	2263	2260	15	1244	0	15	0	15	0	1000	1	0
MIT_119	1974	1970	0	1526	0	0	440	0	0	0	4	0
MIT_121	1849	1808	0	1805	0	0	1	0	0	0	2	0
MIT_122	2462	2456	0	2456	0	0	0	0	0	0	0	0
MIT_123	1504	1502	3	1498	0	3	0	3	0	1	0	0
MIT_124	1605	1548	4	1498	0	4	41	4	0	0	5	5
MIT_200	2581	2510	49	1705	3	41	568	38	4	7	189	1
MIT_201	1928	1908	22	1635	22	0	144	0	22	0	107	2
MIT_202	2122	2117	6	2071	4	2	18	1	4	0	23	1
MIT_203	2957	2460	217	1788	102	49	242	38	106	24	266	1
MIT_205	2642	2590	3	2545	0	3	35	3	0	0	7	11
MIT_207	1844	1645	439	1226	2	37	38	34	29	271	74	0

MIT_208	2918	2453	12	1468	1	3	458	3	2	3	520	370
MIT_209	2986	2945	2	2940	0	1	1	0	0	0	4	0
MIT_210	2629	2535	24	2349	11	10	142	10	12	7	16	9
MIT_212	2734	2668	0	2268	0	0	0	0	0	397	3	0
MIT_213	3236	2851	60	2601	0	60	53	60	0	1	136	362
MIT_214	2247	2223	5	1917	0	5	195	4	0	65	42	1
MIT_215	3349	3329	2	3173	0	2	111	2	0	0	43	1
MIT_219	2140	2038	54	1968	0	54	7	54	0	4	5	1
MIT_220	2034	2032	0	2032	0	0	0	0	0	0	0	0
MIT_221	2404	2392	11	1997	0	3	388	0	0	2	5	0
MIT_222	2468	2125	8	2101	0	0	0	0	1	0	24	0
MIT_223	2591	2544	77	1847	4	73	33	73	4	82	505	14
MIT_228	2038	2033	5	1674	0	5	179	5	0	0	175	0
MIT_230	2242	2240	0	2028	0	0	0	0	0	161	51	0
MIT_231	1554	1552	0	1546	0	0	2	0	0	4	0	0
MIT_232	1729	1722	46	1164	3	34	0	0	5	382	173	0
MIT_233	3064	2995	12	2191	0	12	735	12	0	3	54	11
MIT_234	2738	2666	1	2662	1	0	3	0	1	0	0	0
TOTAL:	99980	96634	1175	85902	169	458	4376	395	208	2950	2842	798

Tableau 2 : Résultats de l'étiquetage NV sur la base MIT (les enregistrements 102, 104, 107 et 217 sont des enregistrements avec stimulateur cardiaque ; l'analyse de ce type de tracé n'étant pas l'objet de la présente étude, ils ont été retirés des résultats)

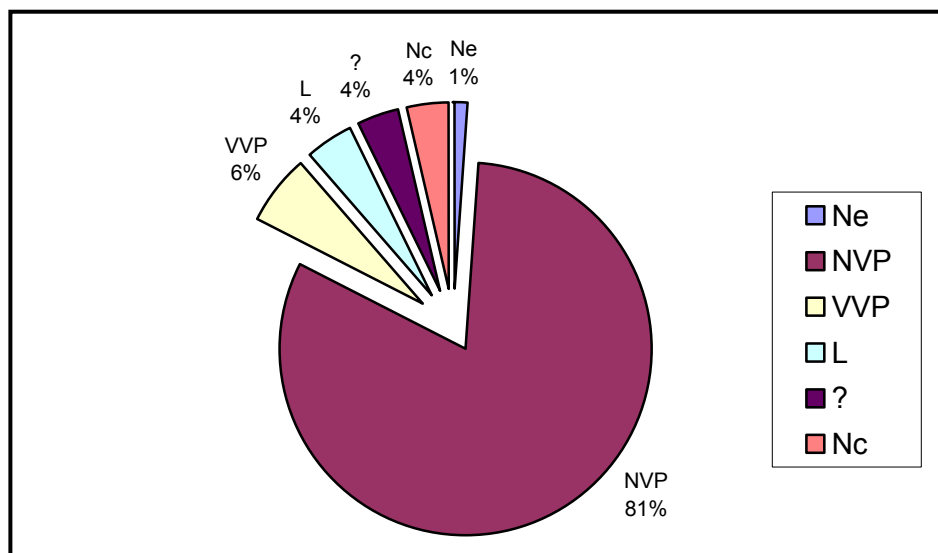


Figure 6 : Synthèse des résultats sur la base AHA pour cent battements. Le taux de réussite pour les labels N et V est de 87%, 4% des battements sont étiquetés avec le label L, 4% ne sont pas étiquetés et 1% sont mal étiquetés.

NOM	NT	NTe	Ne	NVP	NFN	NFP	VVP	VFN	VFP	L	?	F
1001	1609	1607	0	1607	0	0	0	0	0	0	0	0
1002	2583	2562	0	1933	0	0	0	0	0	550	79	0
1003	2170	2165	2	2165	0	0	0	0	0	0	0	0
1004	2961	2913	0	2900	0	0	0	0	0	13	0	0
1005	2541	2539	115	2276	115	0	0	0	115	98	50	0
1006	2110	2108	0	1862	0	0	0	0	0	246	0	0
1007	1523	1521	0	1521	0	0	0	0	0	0	0	0
1008	2435	2430	0	2397	0	0	0	0	0	33	0	0
1009	3568	3268	1	2356	0	0	0	0	0	792	120	0
1010	1983	1890	22	1416	2	1	0	0	2	421	51	0
2001	2863	2794	0	2516	0	0	70	0	0	0	208	0
2002	2232	312	9	267	4	5	14	5	4	7	15	419
2003	2401	2249	0	2226	0	0	8	0	0	12	3	0
2004	3499	2973	12	2574	0	11	16	11	0	365	7	0
2005	1607	1595	7	1532	0	1	28	0	0	0	35	0
2006	1600	1598	0	1330	0	0	213	0	0	0	55	0
2007	3275	3164	34	2703	30	4	270	4	30	44	113	22
2008	2841	1787	1	1654	1	0	43	0	1	0	89	2
2009	2403	2366	2	1679	0	2	138	2	0	521	26	0
2010	2524	2455	0	2074	0	0	79	0	0	72	230	0
3001	2163	2118	8	2073	0	6	13	6	0	15	11	17
3002	2930	2928	0	2863	0	0	34	0	0	0	31	0
3003	1938	1888	8	1850	3	5	17	0	3	0	18	0
3004	1865	1848	2	1513	0	2	52	2	0	53	228	0
3005	1771	1768	1	1390	0	1	11	1	0	17	349	0
3006	3233	3219	3	2975	0	3	105	3	0	2	134	2
3007	2311	2309	8	2283	0	8	18	8	0	0	0	0
3008	2410	2408	92	2247	0	92	8	92	0	0	61	0
3009	2570	2565	38	2464	4	34	25	34	4	11	27	0
3010	2455	2357	2	2217	1	1	55	1	1	61	22	0
4001	1919	1910	0	1473	0	0	407	0	0	0	30	0
4002	2364	2341	17	2227	0	16	81	16	0	0	17	1
4003	2569	2567	320	2095	0	320	152	320	0	0	0	0
4004	2245	2241	4	2131	0	3	9	3	0	1	97	1
4005	1428	1423	0	1287	0	0	131	0	0	0	5	0
4006	1886	1868	11	1566	0	11	4	11	0	195	92	16
4007	3507	3445	186	2492	0	185	71	185	0	0	697	50
4008	1865	1863	2	1838	0	0	22	0	1	0	3	0
4009	2359	2283	0	1478	0	0	792	0	0	1	12	0
4010	2894	2878	184	2155	43	141	505	141	43	0	34	12
5001	2164	2079	95	1881	4	91	9	91	4	1	93	0
5002	2333	2325	0	2162	0	0	157	0	0	1	5	0
5003	2360	2246	1	2238	0	1	0	1	0	5	2	0
5004	2275	2251	0	1433	0	0	355	0	0	6	457	0
5005	1793	1791	8	1478	0	8	293	8	0	0	12	0
5006	2055	1422	3	1350	0	0	25	0	0	30	17	0
5007	2908	2819	0	2775	0	0	44	0	0	0	0	0
5008	1833	1811	0	1686	0	0	34	0	0	5	86	0
5009	2151	2149	0	2138	0	0	11	0	0	0	0	0
5010	2004	1976	53	442	45	8	340	8	45	1014	127	0

6001	2486	1462	6	1429	1	5	25	5	1	0	2	0
6002	1923	1920	1	1681	1	0	217	0	1	0	21	1
6003	2686	2673	5	2440	0	5	101	5	0	0	127	1
6004	2238	2232	23	2078	19	4	34	4	19	0	97	0
6005	2248	2216	4	2044	4	0	148	0	4	0	20	0
6006	2770	2673	4	2306	0	0	304	0	1	3	60	51
6007	2032	2028	0	1566	0	0	448	0	0	0	14	1
6008	2346	2340	0	2188	0	0	49	0	0	0	103	0
6009	2487	2461	25	1643	0	25	187	25	0	12	594	18
6010	3276	3184	3	2664	2	1	321	1	2	71	125	21
7001	3150	3103	8	1792	0	8	610	8	0	236	457	9
7002	2115	2113	134	1116	133	1	209	1	133	469	185	0
7003	2519	2510	8	1845	6	2	165	2	6	491	1	6
7004	1913	1889	0	1489	0	0	20	0	0	380	0	0
7005	2411	2285	3	2073	0	3	106	3	0	94	9	0
7006	3095	3093	4	1217	0	4	1853	4	0	2	17	0
7007	2327	2316	6	2217	5	1	82	1	5	5	6	2
7008	1548	1544	0	1507	0	0	36	0	0	0	1	2
7009	2883	2379	382	1043	0	382	439	382	0	36	479	1
TOTAL:	163739	155813	1867	131526	423	1401	10013	1394	425	6391	6066	655

Tableau 3 : Résultats sur la base AHA. La série des enregistrements 800x n'a pas été analysée car il s'agit uniquement de fibrillations ventriculaires pour lesquelles le tracé ne présente aucune forme précise.

Le plus important taux d'erreur sur la base AHA est réalisé pour l'enregistrement 4003 (NFP = 320). Il s'agit ici d'une famille qui n'a été analysée que sur une voie, la distinction N / V ne se faisant clairement que sur l'autre (identique au cas de l'enregistrement MIT_223 Figure 3 Annexe D).

Nous comparons ici les résultats obtenus par notre algorithme avec ceux trouvés dans la littérature.

I Détection des QRS

La sensibilité sur la base MIT de notre algorithme pour la détection des QRS est (cf. Annexe A pour le détail)¹:

$$Se = 99,85\% \quad \text{et} \quad +P = 99,94\%$$

[Pan, 1985], article de référence pour la détection des QRS, propose les résultats suivants :

$$Se = 99,76\% \quad \text{et} \quad +P = 99,56\%$$

La solution que nous avons proposée ici est largement inspirée de celle proposée par les auteurs, seule la dernière partie de l'algorithme a été optimisée (Chapitre 1.I.1.6 Seuillage adaptatif). En revanche la nouveauté par rapport à cet article est l'analyse multipiste qui n'est pas effectuée par Pan et Tompkins, et le repérage automatique des zones bruitées (Chapitre 4.II Estimation du bruit).

[Bahoura, 1997] propose également un algorithme de détection des QRS à partir d'ondelettes.

Les résultats sur la base MIT sont les suivants :

$$Se = 99,88\% \quad \text{et} \quad +P = 99,85\%$$

La sensibilité de l'algorithme est légèrement meilleure, la prédiction positive légèrement moins bonne. Notre algorithme et celui présenté dans cet article obtiennent donc des résultats très voisins. Cependant, notre solution permet indifféremment l'analyse sur 2 ou 3 voies, qui

¹ Pour rappel des équations 1 et 2 en introduction, $Se = \frac{VP}{VP + FN} \cdot 100$ est la sensibilité; et $+P = \frac{VP}{VP + FP} \cdot 100$ la prédiction positive, où VP est le nombre de vrais positifs, FP le nombre de faux positifs, et FN le nombre de faux négatifs.

n'est pas proposée par [Bahoura, 1997]. L'intérêt principal est la prise de décision très efficace sur trois voies (cf. Chapitre 3.II Analyse multipiste).

Les résultats sur la base MIT de l'algorithme Synescope de Ela Medical sont proches des nôtres.

$Se = 99,56\%$ et $+P = 99,86\%$

Leur analyse reste cependant limitée à la prise en de 2 voies d'enregistrement au maximum.

II Étiquetage N / V

Peu d'articles récents proposent des résultats pour l'étiquetage de l'origine des battements (N / V). Nous avons donc comparé nos résultats avec un article de 1990 [Coast, 1990] et le programme SynScope de Ela Medical.

Notre algorithme obtient les résultats suivants (cf. Annexe F pour le détail):

- Base MIT, battements d'origine sinusale (N):
 $Se = 99,80\%$ et $+P = 99,46\%$
- Base MIT, battements d'origine ventriculaire (V) :
 $Se = 91,70\%$ et $+P = 95,46\%$

- Base AHA, battements d'origine sinusale (N):
 $Se = 99,68\%$ et $+P = 98,95\%$
- Base AHA, battements d'origine ventriculaire (V) :
 $Se = 87,78\%$ et $+P = 95,93\%$

Les résultats proposés par [Coast, 1990] sur une partie de la base AHA (6 enregistrements) sont :

- battements d'origine sinusale (N):
 $Se = 99,82\%$ et $+P = 98,90\%$

- battements d'origine ventriculaire (*V*) :
 $Se = 97,25\%$ et $+P = 85,67\%$

Calculés sur ce même sous-ensemble d'enregistrements, nos résultats sont :

- battements d'origine sinusale (*N*):
 $Se = 98,89\%$ et $+P = 99,86\%$
- battements d'origine ventriculaire (*V*) :
 $Se = 97,62\%$ et $+P = 83,90\%$

Les résultats sont quasiment identiques. La sensibilité pour les battements normaux de l'algorithme proposé par [Coast, 1990] est supérieure à la nôtre ; en revanche, notre prédiction positive est meilleure pour ces mêmes battements, et inversement pour les battements d'origine ventriculaire.

Cependant, le point faible de l'algorithme proposé par [Coast, 1990] est qu'il nécessite un regard expert à chaque enregistrement pour réaliser un apprentissage, c'est-à-dire que pour chaque enregistrement à analyser, il faut au préalable demander à un expert de sélectionner trois battements normaux et trois battements ventriculaires pour effectuer de manière ad hoc l'adaptation des paramètres, ce qui n'est pas la méthodologie envisagée dans notre programme.

L'algorithme Synescope de ELA Medical correspond, quant à lui, à la même méthodologie que la nôtre. Les résultats sur la base MIT sont les suivants :

- battements d'origine sinusale (*N*):
 $Se = 99,01\%$ et $+P = 98,10\%$
- battements d'origine ventriculaire (*V*) :
 $Se = 76,47\%$ et $+P = 82,7\%$

Ces résultats sont donc inférieurs au nôtre sur cette base. Le traitement que nous réalisons est en effet plus complexe que celui effectué par ce logiciel, il est également plus long.

L'absence de base de référence concernant la localisation des ondes P et T ne nous a pas permis de faire des comparaisons pour cette partie de l'algorithme, la qualité ne peut donc être effectuée que par l'analyse des résultats par un expert.

Ranking a Random Feature for Variable and Feature Selection

Hervé Stoppiglia

*Informatique Caisse des Dépôts et Consignations
113, rue Jean Marin Naudin
F – 92220 Bagneux, France*

HERVE_STOPPIGLIA@PECHINEY.COM

G rard Dreyfus

R mi Dubois

Yacine Oussar

*ESPCI, Laboratoire d' lectronique
10, rue Vauquelin
F – 75005 Paris, France*

GERARD.DREYFUS@ESPCI.FR

REMI.DUBOIS@ESPCI.FR

YACINE.OUSSAR@ESPCI.FR

Editors: Isabelle Guyon and Andr  Elisseeff

Abstract

We describe a feature selection method that can be applied directly to models that are linear with respect to their parameters, and indirectly to others. It is independent of the target machine. It is closely related to classical statistical hypothesis tests, but it is more intuitive, hence more suitable for use by engineers who are not statistics experts. Furthermore, some assumptions of classical tests are relaxed. The method has been used successfully in a number of applications that are briefly described.

Keywords: Model selection, variable selection, feature selection, kernel, classification, neural networks, leave-one-out, Gram-Schmidt orthogonalization, statistical tests, information filtering

1. Introduction

The present paper addresses (i) the problem of variable selection for polynomials, and (ii) the problem of selecting explicitly computed kernels such as radial basis functions or wavelets. It is thus essentially a filter method, although it can be used indirectly for selecting a learning machine, e.g. for selecting the inputs and the hidden neurons of neural networks.

Assume that a database is available, including measurements of a set of candidate variables, from which a set of features are computed (for linear machines, the variables are identical to the features). The latter can be ranked in order of decreasing relevance to the output; only the most relevant features, i.e., the top features of the list, should be selected; the question that we address here is that of setting the boundary between the “top” and the “bottom” features, i.e., those which should be selected and those which should be discarded, given the available experimental data.

The following intuitive method, whose close relation to statistical tests will be proved in Section 4, is discussed in the present paper: append to the set of candidate features a “probe” feature, which is a random variable; if the amount of available data were infinite, this feature should be ranked last, or should be ranked as low as other irrelevant features, if any. Since the amount of available data is finite, the probe feature will appear somewhere in the ranked feature list; all features that

are ranked below the probe should be discarded. Actually, since the probe is a random variable, its rank in the list is a random variable too. Therefore, the decision of keeping or discarding a given feature is based on the probability that this feature be ranked higher or lower than the probe. In the spirit of classical hypothesis tests, the designer of the model will choose a risk of selecting a feature although it is less relevant than a random one (or a risk of discarding a feature although it is more relevant than a random one), and will base its decision on that risk.

The first part of the paper recalls the Gram-Schmidt orthogonalization procedure, whereby the candidate features are ranked in order of decreasing relevance to the measured process output, or concept. Section 3 describes the use of the probe feature, the computation of the probability distribution function of its rank in the list, and its use for feature selection. The relation between the present procedure and Fisher's test is subsequently derived. In Section 4, the extension to models that are nonlinear with respect to their parameters is described. Section 5 discusses several applications of the method, both academic and industrial. Finally, we discuss the limitations of the method and show that it is potentially useful in a larger framework.

2. Feature Ranking

A general, lucid discussion of the feature ranking and feature selection problems can be found in the paper of Guyon et al. (2002). The present section is devoted to recalling briefly the use of the Gram-Schmidt orthogonalization procedure for ranking the variables of a model that is linear with respect to its parameters; it was first described by Chen et al. (1989); it was first used in the machine learning context for RBF networks by Chen et al. (1991), for neural networks by Urbani et al. (1993), and for wavelet networks by Oussar (1998), Oussar and Dreyfus (2000); variants of the method were developed recently under the name of Matching Pursuit (see for instance Vincent and Bengio, 2001).

We consider a model with Q candidate features; a data set containing N input-output pairs (measurements of the output of the process to be modelled, and of the candidate features - or of the candidate variables for linear models) is available. We denote by $\mathbf{x}^i = [x_1^i, x_2^i, \dots, x_N^i]^T$ the vector of values of feature i , or of input i . We denote by \mathbf{y}_p the N -vector of the measured values of the output of the process to be modelled. We consider the (N, Q) matrix $X = [\mathbf{x}^1, \mathbf{x}^2, \dots, \mathbf{x}^Q]$. The model can be written as $\mathbf{y} = X\theta$, where θ is the vector of the parameters of the model.

The first iteration of the procedure consists in finding the feature vector that best explains the concept, i.e., which has the smallest angle with the process output vector in the N -dimensional space of observations. To this end, the following quantities are computed

$$\cos^2(\mathbf{x}^k, \mathbf{y}_p) = \frac{(\mathbf{x}^k \cdot \mathbf{y}_p)^2}{\|\mathbf{x}^k\|^2 \|\mathbf{y}_p\|^2}, \quad k = 1 \text{ to } Q \quad (1)$$

and the vector \mathbf{x}^k for which this quantity is largest is selected. In order to discard the part of the concept that is explained by the first selected vector, all remaining candidate inputs, and the output vector, are projected onto the null subspace (of dimension $N-1$) of the selected feature. In that subspace, the projected input vector that best explains the projected output is selected, and the $Q-2$ remaining feature vectors are projected onto the null subspace of the first two ranked vectors. The procedure (termed "classical Gram-Schmidt" algorithm) terminates when all Q input vectors are

ranked, or when a stopping criterion is met; the main point of the present paper is the description of a new stopping criterion for that procedure.

In addition, the procedure computes the parameters of the model that are optimum in the least squares sense, so that a model is built while the feature selection procedure is performed. It provides valuable information:

- if the resulting linear-in-its-parameters model does not perform well, the validity of the result of the selection procedure should be questioned; this point will be developed below;
- if the resulting linear-in-its-parameters model performs well, the selected features, or variables derived from the selected features, may be fed to a nonlinear-in-its-parameters model, which may be more parsimonious, hence provide better generalization.

The performance of the linear-in-its-parameters model can be assessed efficiently by making use of the analytic expression of the leave-one-out error computed by using the Sherman-Morrisson-Woodbury theorem (Myers, 1990), which was extended to nonlinear-in-their-parameters models by Monari (1999), Monari and Dreyfus (2000, 2002).

For improved numerical stability, it is recommended to use a slightly different procedure, termed “modified Gram-Schmidt” (Bjoerck, 1967). Full algorithmic descriptions of both the classical Gram-Schmidt and the modified Gram-Schmidt algorithms are available in the paper of Chen et al. (1989).

Given a set of Q candidate features, there are 2^Q possible models. The above procedure allows us to consider only Q models for selection: the model with the feature ranked first, the model with the first two features, etc. The price paid for that complexity reduction is the fact that there is no guarantee that the best model is among the Q models generated by the procedure. It can be shown that the procedure is almost optimal (de Lagarde, 1983).

3. Feature Selection

The main point of the present paper is the presentation of a stopping criterion, which exempts the model designer from ranking all parameters.

Assume that a “probe” feature, which is simply a realization of a random variable, is ranked, just as all other candidate features, by the procedure described in the previous section. It would be natural to discard all features that are ranked below the realization of the probe. However, the rank of the probe feature is actually a random variable, whose cumulative distribution function can be computed exactly as shown below. Once the cumulative distribution function is available, one has to choose an acceptable value of the risk that a random variable might explain the concept more efficiently than one of the selected features, i.e., the risk that a feature might be kept although, given the available data, it might be less relevant than the probe.

Therefore, at each step of the Gram-Schmidt orthogonalization, the procedure is the following:

- after orthogonalization (by classical or modified Gram-Schmidt), pick the projected candidate feature (not selected at previous steps) that has the smallest angle with the projected output,
- compute the value of the cumulative distribution function as described in the next section,
- if that value is smaller than the risk, keep the feature and perform the next step of Gram-Schmidt orthogonalization

- if that value is larger than the risk, discard the feature under consideration and terminate the procedure.

The choice of the risk is problem-dependent: if data is sparse, the model should be as parsimonious as possible, hence a low value of the risk should be chosen, in order to make sure that only relevant inputs are present (but some features with low relevance might be missed); conversely, if data is abundant, a higher risk may be acceptable (but some irrelevant features might be kept).

3.1 Computation of the Cumulative Distribution Function of the Rank of the Probe

We proceed to prove that the cumulative distribution function of the squared cosine of the angle between a given vector and a random vector can be computed exactly, and that the cumulative distribution function of the rank can be derived from that result.

The first step is the computation of the probability distribution function of the squared cosine of the angle φ between a fixed vector and a vector whose components are normally distributed, in a space of dimension v . It can be expressed as:

$$f_v(x) = \frac{\Gamma(\frac{v}{2})}{\Gamma(\frac{1}{2})\Gamma(\frac{v-1}{2})} \frac{(1-x)^{\frac{v-3}{2}}}{\sqrt{x}} \quad (2)$$

where $\Gamma(\cdot)$ is the gamma function, with $x = \cos^2\varphi$, $v \geq 2$ and $0 \leq x \leq 1$. $f_v(x)$ is a beta-function with $a = 1/2$ and $b = (v-1)/2$ (see for instance Mood et al., 1974).

The cumulative distribution function $F_v(\cos^2\varphi)$ is obtained by integration of relation (2). It can be computed exactly as indicated in Appendix A. From the cumulative distribution function, the probability that the angle between a probe and a fixed vector be smaller than a given angle φ is easily derived as

$$P_v(\cos^2\varphi) = 1 - F_v(\cos^2\varphi) \quad (3)$$

for $v \geq 2$.

Finally, the cumulative distribution function of the rank of a probe can be derived as follows. At iteration n , n candidate features have been ranked, and a new feature is chosen among the $Q - n$ remaining ones. We denote by φ_n the angle (in a space of dimension $v = N - n$) between the selected projected feature and the projected output, and by Π_n the probability that the angle between a realization of the probe and the projected output be smaller than φ_n : $\Pi_n = P_{N-n}(\cos^2\varphi_n)$. We denote by G_{n-1} the probability that a realization of the probe be more relevant than one of the $n-1$ candidate features selected at the $n-1$ previous steps of the Gram-Schmidt procedure. The probability that a realization of the probe be less relevant than one of the $n-1$ previous features is equal to $1 - G_{n-1}$. Therefore, the probability that a realization of the probe be more relevant than the $n-1$ previous features but less relevant than the n -th feature is equal to

$$P_{N-n}(\cos^2\varphi_n)(1 - G_{n-1})$$

Hence, the probability that a realization of the probe be more significant than one of the n features selected after iteration n is given by

$$G_n = G_{n-1} + P_{N-n}(\cos^2\varphi_n)(1 - G_{n-1}) \quad (4)$$

with $G_0 = 0$.

As a first illustration, we consider (de Lagarde, 1983) a data set of 15 observations generated by the following simulated process:

$$y_p = X\theta + \omega \tag{5}$$

where y_p and ω are 15-dimensional vectors, θ is a 10-dimensional vector, X is a (15, 10) matrix. The data generating process has actually 5 relevant features ($\{x^1 \text{ to } x^5\}$) only, chosen from a normal distribution: $\theta_i \neq 0$ for $i = 1$ to 5, $\theta_i = 0$ for $i = 6$ to 10. The components of vector ω are Gaussian distributed with zero mean and variance $2 \cdot 10^{-2}$. The input vectors x^j ($j = 1$ to 10) are also chosen from normal distributions.

Figure 1 shows the computed cumulative distribution function of the rank of a realization of the probe. If a model with 5 features is selected, the probability that a random feature might explain the output better than one of the 5 features chosen is lower than 10%. As expected, the five selected features are the features with non-zero parameters of the data generating process.

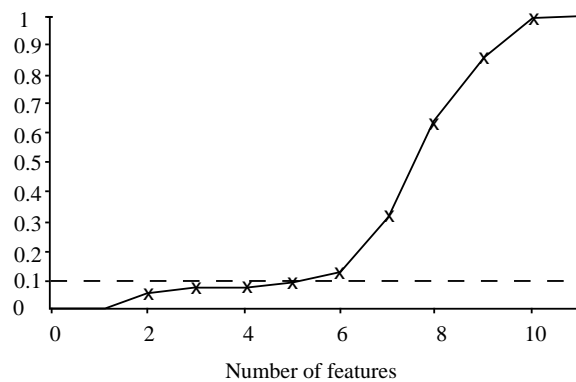


Figure 1: Computed cumulative distribution function of the rank of the probe feature, as a function of the number of selected features. The 5 relevant inputs of the generating procedure are selected if a risk of 10% is chosen.

3.2 Summary

In the present section, we summarize the feature selection procedure for a linear-in-its-parameters model.

First, one should choose a risk r of selecting a feature that is less relevant than a random feature.

At step n of the orthogonalization algorithm ($n < Q$):

- choose the n -th candidate feature in the ranked list,
- compute $\cos^2\varphi_n$ from relation (1), $F_V(\cos^2\varphi_n)$ from Appendix A, $P_{N-n}(\cos^2\varphi_n)$ from relation (3), G_n from relation (4),
- if $G_n > r$, select the n -th feature and proceed to step $n+1$; otherwise, terminate the procedure.

4. Relation to Fisher's Test

Fisher's test is a classical statistical (frequentist) approach to the selection of models that are linear with respect to their parameters. It relies on the assumption that the model is *complete*, i.e., that the regression function belongs to the family of functions within which the model is searched for. If one (or more) input is irrelevant, the corresponding parameter(s) of the model should be equal to zero. Therefore, the hypothesis that is tested is the fact that one or more parameters are equal to zero.

Fisher's test compares a sub-model to the complete model. Other tests, such as the Likelihood Ratio Test (Goodwin and Payne, 1977) and the Logarithm Determinant Ratio Test (Leontaritis and Billings, 1987) compare models that are not thus related. It is proved that these tests are asymptotically equivalent to Fisher's test (Soederstroem, 1977).

In principle, the complete model (with Q parameters) should be compared, using Fisher's test, to all 2^Q sub-models. Using feature ranking with the Gram-Schmidt method as explained above, the number of comparisons can be reduced to Q .

It is shown in Appendix B that the random variable that is used by Fisher's test to discriminate between the null hypothesis and the alternative one can be derived from the probe feature method. The latter thus appears as an alternative to Fisher's test, which (i) gives the model designer a clear explanation as to why features should be discarded (given the available data) and (ii) does not rely on the assumption that the complete model actually contains the regression.

5. Application to the Selection of Models that are Nonlinear with Respect to their Parameters

Since this procedure applies only to models that are linear with respect to their parameters, it is not directly applicable to the selection of the inputs of nonlinear-in-their-parameters models: multilayer perceptrons, radial basis function networks, wavelet networks, etc. This drawback can be circumvented by noting that a variable which is irrelevant is irrelevant irrespective of the model, provided that the latter can learn the task; therefore, the variables can be first selected with a model linear with respect to its parameters (a polynomial model for instance), and subsequently used as inputs to a neural net, thereby taking advantage of the parsimony of the latter. In the next section, we describe an example where the relevant variables in a XOR classification problem are discovered among many irrelevant variables, by selecting the inputs of a polynomial model of degree 2 that solves the problem.

Therefore, the procedure is as follows:

- perform feature selection on a model that is linear with respect to its parameters, e.g. a polynomial; check that the model gives reasonable results on the training set (if there is no point in checking its generalization ability), or assess the generalization performance by computing the leave-one-out error as mentioned above;
- if the linear-in-its-parameters model can learn the task, use the variables that appear in the selected monomials as inputs to a nonlinear-in-its-parameters model;
- if the polynomial model cannot learn the task, increase the degree of the polynomial.

The main limitation of the procedure is the increase of the complexity of the polynomial with the number of features to be ranked. It might become intractable if thousands of features were to be ranked.

Furthermore, the procedure can be applied to the estimation of the number of hidden neurons. Consider a feedforward neural network, with a single layer of hidden neurons and a linear output neuron, whose inputs are known. We address the problem of estimating the minimum number of hidden neurons required to perform a nonlinear regression on the available data. The application of the method described above is straightforward since the output of the hidden layer may be considered as the input of a linear model. The method can be applied either destructively, starting with a large model and using the selection method to discard useless neurons, or constructively, adding neurons until a hidden neuron is considered to be less relevant than a “probe” hidden neuron. In the first case, one trains a large neural network, performs the above procedure by using as candidate features the outputs of the hidden neurons, and discards the neurons that are less relevant than the probe, with the chosen risk. The new architecture is retrained fully, and the procedure is iterated until no irrelevant neuron is detected. In the second case, one starts from a minimal network and increments the number of hidden neurons until an irrelevant neuron is detected.

In the same spirit, the procedure can be used for selecting RBF or wavelet networks: a library of RBF’s (resp. wavelets), with fixed centers and widths (resp. translations and dilations) is created, and the procedure is applied to select the most relevant kernels. The surviving kernels are subsequently trained (i.e., their centers or translations, and widths or dilations, are adjusted). If necessary, the process can be iterated for further selection (Chen et al., 1989, Oussar and Dreyfus, 2000).

6. Numerical Illustrations and Applications

This section is devoted to the presentation of academic problems and of several applications in which the method proved successful.

6.1 Academic Problems

Before proceeding to industrial and financial applications, we illustrate the method’s use on three problems of academic interest.

6.1.1 VARIABLE SELECTION IN A SYNTHETIC CLASSIFICATION PROBLEM

In <http://www.clopinet.com/isabelle/Projects/NIPS2001/#dataset>, a database is generated as follows: a linear discriminant function is chosen with random parameters in 2-dimensional space, random examples are generated from that separator, and a given percentage of the outputs are flipped. Additional features are generated randomly, with given percentages of independent features, dependent features, and repeated features. In our experiments, 100 such databases were generated. For each database, 800 examples were generated for training and 400 for testing; 238 additional features were generated. 10 % of the outputs were flipped randomly.

One “true” feature was among the top two ranked features 100 times, both “true” features were selected 74 times; the selected features were used as inputs of linear separators with sigmoid nonlinearity, which were trained by minimizing the usual least squares cost function with the Levenberg-Marquardt algorithm; for comparison, similar linear separators were trained with the “true” features, whenever the latter were not selected. The mean misclassification rate on the training sets was 10.4% (standard deviation 1.1%) with the selected features, whereas it was 10.1% (standard deviation 0.7%) with the “true” features. A *t*-test performed with 0.5% significance accepts the hypothesis that the difference between the means is smaller than or equal to 0.125 %, which is the

smallest misclassification rate that can be detected (1 error out of 800). Thus, the performances of the true features and of the selected ones are not distinguishable with that level of significance, thereby proving that the probe feature method selects either the “true” features, or features that are essentially as good as the “true” ones for the problem under consideration, with the machine that was implemented. The classification rates on the test sets are not significantly different from those on the training sets (a t -test with 5% significance supports the null hypothesis that the mean misclassification rates are equal). For comparison, the misclassification rate when two features are chosen randomly is about 45%; it is about 30% when one “true” feature and one randomly chosen feature are used.

If a 1% risk is used,¹ the first three features of the list are selected. The resulting misclassification rates are not significantly different from the above results.

If 100 examples only are present in the training set, both “true” features are found in only 37 cases out of 100; however, the misclassification rates of classifiers trained with both true features did not differ significantly by more than 1% from the misclassification rates of classifiers trained with the two selected features.

6.1.2 VARIABLE SELECTION FOR THE XOR PROBLEM

In the same spirit, we build a database for classification with two classes of 50 examples each, drawn from identical Gaussian distributions whose centers are in XOR positions in 2-dimensional space. 50 additional candidate variables are generated from a uniform distribution in $[-2, +2]$. If feature selection is attempted with a linear model, the above procedure fails to give a satisfactory model, as expected, so that the result of the selection is not valid; the relevant inputs are ranked quite low. If variable selection is attempted with a quadratic model (leading to 1,326 different features, with 52 independent features including 2 relevant features), the random probe procedure selects the relevant variables, and no other, with 1% risk. If the regression is performed with the selected variables, the valid discriminant function $f = x_1 x_2$ is found, where x_1 and x_2 are the relevant variables.

In the present example, there is no point in trying to find a better solution by feeding the selected variables x_1 and x_2 to a nonlinear-in-its-parameters model: since the problem is 2-dimensional, a neural network would not provide a more parsimonious solution.

6.1.3 SELECTION OF INPUTS AND HIDDEN NEURONS IN A NEURAL NETWORK

A training set of 2,000 examples, and a test set of 2,000 examples, are generated by a neural network with 10 inputs, 5 hidden neurons with sigmoid activation function, and a linear output neuron. Its weights are drawn from a gaussian distribution (0, 0.1). The inputs are drawn from a Gaussian distribution with zero mean, whose standard deviation is computed so as to convey a given variance to the potential of the hidden neurons: the larger the variance of the potential, the more severe the non-linearity. A zero-mean Gaussian noise is added to the output. Inputs are first selected as described in Section 3, and hidden neurons are selected as described in Section 5. Training is performed with the BFGS optimization algorithm, using gradient values computed by backpropagation. Table 1 shows the results obtained for 2 different standard deviations of the potential of the hidden neurons, and 5 different noise variances ranging from 10^{-10} to 1. In all cases, the selection method, starting from a candidate architecture with 20 candidate inputs and 10 hidden neurons, retrieves the correct

1. Experiments performed with the NeuroOne software package by Netral S.A.

Standard deviation of the potential	Standard deviation of the noise	Number of inputs of the final model	Number of hidden neurons	Root mean square training error	Root mean square test error
3	$1. \cdot 10^{-10}$	10	5	$9.6 \cdot 10^{-11}$	$1.1 \cdot 10^{-10}$
3	$1. \cdot 10^{-1}$	10	5	$9.8 \cdot 10^{-2}$	$1.1 \cdot 10^{-1}$
3	1	10	4	1.04	1.1
5	$1. \cdot 10^{-10}$	10	5	$9.7 \cdot 10^{-11}$	$1.1 \cdot 10^{-10}$
5	$1. \cdot 10^{-1}$	10	5	$1.0 \cdot 10^{-1}$	$1.1 \cdot 10^{-1}$
5	1	10	4	1.02	1.1

Table 1: Feature selection for the neural network problem, varying noise and number of hidden units.

architecture, except for high noise levels where a lower complexity is appropriate for explaining the measured output.

6.2 Industrial and Financial Applications

In this section, we describe briefly a number of real applications in which this method proved powerful, and was readily understood by field experts who were not familiar with statistical methods such as hypothesis testing.

The prediction of chemical properties of molecules (or QSAR – Quantitative Structure-Activity Relations), viewed as an aid to drug discovery, is a notoriously difficult problem (see for instance Hansch and Leo, 1995), because data is sparse, and because the candidate features are numerous. Both neural networks (see for instance Bodor et al., 1994) and support vector machines (Breneman et al., 2002) have been used extensively. The variable selection method presented here (together with an efficient machine selection method) allowed the prediction of the partition coefficient of a large number of molecules with previously unequalled accuracy on the same data sets (Duprat et al., 1998).

Spot welding is the most widely used welding process in the car industry. Two steel sheets are welded together by passing a current of a few kiloamperes between two electrodes pressed against the metal surfaces, typically for a hundred milliseconds. The heating thus produced melts a roughly cylindrical region of the metal sheets. After cooling, the diameter of the melted zone characterizes the effectiveness of the process; therefore, the spot diameter is a crucial element in the safety of a vehicle. At present, no fast, non-destructive method exists for measuring the spot diameter, so that there is no way of assessing the quality of the weld immediately after welding. Modelling the dynamics of the welding process from first principles is a difficult task, which cannot be performed in real time. These considerations led to considering black-box modelling for designing a “virtual sensor” of the spot diameter from electrical and mechanical measurements performed during welding. The main concerns for the modelling task were the choice of the model inputs, and the limited amount of examples available initially in the database. Variable selection (Monari, 1999) was performed both as described in the present paper, and by more classical methods (stepwise

backward regression and statistical tests based on performance comparisons), with identical results. Our method is computationally less expensive than methods based on performance comparisons since performance comparisons between models with different inputs require (i) training several models with different initial values of the parameters (for nonlinear-in-the-parameters models), (ii) selecting the model with the smallest leave-one-out or cross-validation score for each set of candidate inputs, (iii) performing the test. The variables selected by the random probe method with a polynomial model of degree 3, were subsequently used as inputs to neural networks. The feature set was validated by the process experts. The selection of the prediction machine itself was performed on the basis on the computed leverages of the example, as described by Monari and Dreyfus (2002).

Still in the area of nondestructive testing, but in a completely different application, the feature selection method described here was implemented for the classification of electromagnetic signatures provided by eddy current sensors mounted a few millimeters above the rails, under carriages of the Paris subway. The purpose of the application is the automatic detection of rail defects. Fourier analysis yields 100 candidate features, while the number of examples was limited to 140, for a 4-class problem. The 4-class problem was split into 2-class subproblems, and feature selection was performed independently for each problem; the number of variables was thus reduced to less than 10 for each classifier (Oukhellou et al., 1998).

The present selection method was originally developed for two target applications in finance: the financial analysis of companies for investment purposes, and the financial analysis of town budgets. In the first case, experts suggested 45 financial ratios that were deemed relevant. The probe feature method reduced the number of features to 7, leading to a model that was more efficient and more clearly understandable than the previous ones; it has been in constant use for the last five years. In the second case, the modelling was a 5-class classification problem, which was split into 10 pairwise classification problems; variable selection was performed separately for each classifier. Using a 5% risk, the largest pairwise classifier had 10 variables. The classifier was applied to all 36,000 French towns for financial assessment. Both applications are described in detail by Stoppiglia (1997)

Finally, the present method proved particularly successful for information filtering. The purpose of information filtering is to find information that is relevant to a given topic (defined in a short sentence) in a wide corpus of texts. This can be formalized as a simple 2-class classification problem (a document is either relevant or irrelevant), but the selection of the variables of the classifier (related to the frequency of occurrence of words in the text to be classified) is difficult, since the vocabulary is virtually infinite. Furthermore, since isolated words tend to be ambiguous, the context must be considered, thereby making the structure of the classifier even more complex (see for instance Jing and Tzoukermann, 1999). Therefore, feature selection is crucial. Detailed comparisons between the present method, mutual information, statistical tests, and a selection method that is specific to automatic language processing, can be found in the study of Stricker (2000). The method presented here was used both to find the specific vocabulary of the topics and to find the relevant context of each word of the specific vocabulary. Experiments performed on very large corpuses (Reuters and Agence France-Presse corpuses, and other corpuses mentioned below) and large numbers of topics, showed that the specific vocabulary of a topic can be reduced to 25 words on the average, with an average of 3 context words per word of the specific vocabulary. Linear classifiers trained with regularization were found to be suitable after variable selection. Detailed descriptions of applications of the present selection method to information filtering can be found in the papers of Stricker et al. (1999), Wolinski et al. (2000).

Task	Number of examples	Number of candidate features	Number of selected features
QSAR (regression)	321	74	8
Spot welding (regression)	310	15	4
Eddy current signals (classification, 4 classes)	100	140	< 10
Financial analysis (classification, 5 classes)	250	45	7
Information filtering (classification, 2 classes)	1000 (typical)	400 (typical)	25 (typical)

Table 2: Summary of industrial and financial application results.

Table 2 summarizes results obtained in the above applications. For the last one, typical values are given, because thousands of different classifiers were designed in order to deal with the databases that were investigated.

7. Discussion and Conclusion

The probe feature method, as described in the present paper, contains two distinct ingredients: a method for ranking features (classical or modified Gram-Schmidt orthogonalization) and a method for selecting ranked features (the introduction of a probe feature among candidate features). Although they are presented together here, they deserve separate discussions.

The ranking of features through orthogonalization for linear-in-their-parameters models is by no means new. It has many interesting features. First, it is fast. Second, it takes into account the mutual information between features: if two features are almost collinear in observation space, the fact that one of them is selected will tend to drive the other to a much lower rank in the list. It has the additional advantage of allowing an incremental construction of the model, so that training can be terminated, without using all features, as soon as a satisfaction criterion is met; if the linear-in-the-parameters machine thus trained is expected to be satisfactory, the generalization ability of the machine, as estimated by a cross-validation or leave-one-out score, can be used as a satisfaction criterion. Conversely, if the features are intended for subsequent use as inputs of a different machine, it is only necessary to make sure that the linear-in-its-parameters machine can learn the task; in the affirmative, the selected variables or features thus selected can be used as inputs to a different machine that is not necessarily linear in its parameters. On the negative side, the method is based on the minimization of a squared error loss, which is not always the most appropriate for classification, even though it gives very good results, as shown above; its extension to other loss functions (such as cross-entropy for classification) is an open problem.

The idea of appending a random probe feature to the set of candidate features and ranking it among the others is central in the present paper. It is a powerful stopping criterion for Gram-Schmidt orthogonalization or any of its variants, because the cumulative distribution function of the rank of the probe can be computed analytically as proved above, so that one does not have to actually rank realizations of the probe. However, as shown by Stoppiglia (1997), it can be used in a different way: instead of *computing* the cumulative distribution function of the probe feature

analytically, one can *estimate* it by generating a number of realizations of the probe feature, and ranking them among the others by whatever ranking method is preferred, thereby generating a corresponding number of realizations of the random rank of the probe, and allowing an estimation of its cumulative distribution function. This makes the probe method potentially of more general use, e.g. for selection methods that are based on weight elimination in the spirit of OBD (see for instance Reed, 1993); since weights are related to individual examples in SVM's, the method might also be useful for example selection (Guyon et al., 2002). In addition, the assumption of normality of the probe can be relaxed since it is necessary only for the analytical computation of the cumulative distribution function.

The selection method that is described in the present paper is intuitive and easily understandable, even by engineers who are not familiar with hypothesis testing; this is an attractive feature for researchers who endeavor to make machine learning techniques popular in industry. However, the method is not yet another heuristics for model selection, since it is firmly based on statistics. Furthermore, in contrast to Fisher's test - to which the probe technique is closely related - the assumption that the complete model actually contains the regression is not required. In contrast to the approach described by Weston et al. (2001) the probe feature method does not aim directly at improving the learning machine itself. It can only be conjectured that the withdrawal of irrelevant variables or features will help the machine perform better. The method proved powerful, in several contexts involving a large number of candidate features, and compared favorably, in terms of computation times, with classical tests.

Appendix A. Computation of the Cumulative Distribution Function

The cumulative distribution function is given by:

$$P_v(x) = \int_0^x \frac{\Gamma(\frac{v}{2})}{\Gamma(\frac{1}{2})\Gamma(\frac{v-1}{2})} \frac{(1-u)^{(v-3)/2}}{\sqrt{u}} du$$

with $v \geq 2$ and $x = \cos^2\theta$.

If v is even, then

$$P_v(x) = \frac{2}{\pi} \left[\sin^{-1} \sqrt{x} + \sqrt{x(1-x)} \Phi_{v/2-2}(x) \right]$$

where $\Phi_{v/2-2}$ is a polynomial of degree $v/2 - 2$,

$$\Phi_{v/2-2}(x) = 1 + \sum_{k=1}^{v/2-2} 2^k \frac{k!}{(2k+1)!!} (1-x)^k \quad \text{for } v \geq 6$$

$\Phi_0(x) = 1$ for $v = 4$,

$\Phi_{-1}(x) = 0$ for $v = 2$.

If v is odd, then

$$P_v(x) = \sqrt{x} \Psi_{(v-3)/2}(x)$$

where $\Psi_{(v-3)/2}$ is a polynomial of degree $(v-3)/2$,

$$\Psi_{(v-3)/2}(x) = 1 + \sum_{k=1}^{(v-3)/2} \frac{1}{2^k} \frac{(2k-1)!!}{k!} (1-x)^k \quad \text{for } v \geq 5$$

$\Psi_0(x) = 1$ for $v = 3$

Appendix B. Relation of the Probe Feature Method to Fisher's Test

Fisher's test is a classical statistical (frequentist) approach to the selection of models that are linear with respect to their parameters. It is assumed that the process can be described by equation:

$$y_p = X\theta + \omega$$

where ω is Gaussian distributed $(0, \sigma^2)$. Since $E(\omega) = 0$, it is assumed that the regression function belongs to the family of linear equations

$$y = X\theta \quad (6)$$

within which the model is searched for (the model is said to be *complete*).

If one (or more) input is irrelevant, the corresponding parameter of the model should be equal to zero. Therefore, the hypothesis that is tested is the fact that one or more parameters are equal to zero. Assume that it is desired to test the validity of the complete model against that of a sub-model with q parameters equal to zero. The following quantities are defined

$y_Q = X\theta_{LS}$ where θ_{LS} is the parameter vector obtained by least-squares fitting of the complete model (Q parameters) to the available data,

$y_{Q-q} = X\theta_{LS}^q$ where θ_{LS}^q is the parameter vector obtained by least squares fitting of the complete model, under the constraint that q parameters out of Q are equal to zero

The considered hypotheses are

H_0 : the q parameters are equal to zero,

H_1 : the q parameters are not equal to zero.

If H_0 (the null hypothesis) is true, the random variable

$$R = \frac{N - Q - 1}{q} \frac{\|y_p - y_{Q-q}\|^2 - \|y_p - y_Q\|^2}{\|y_p - y_Q\|^2} = \frac{N - Q - 1}{q} \frac{\|y_Q - y_{Q-q}\|^2}{\|y_p - y_Q\|^2} \quad (7)$$

has a Fisher-Snedecor distribution with q and $(N - Q - 1)$ degrees of freedom. If, with a given risk, the test leads to rejecting the null hypothesis, the sub-model with q parameters equal to zero is rejected.

Fisher's test compares a sub-model to the complete model. Other tests, such as the Likelihood Ratio Test (Goodwin and Payne, 1977) and the Logarithm Determinant Ratio Test (Leontaritis and Billings, 1987) compare models that are not thus related. It is proved in (Soederstroem, 1977) that these tests are asymptotically equivalent to Fisher's test.

In principle, the complete model (with Q parameters) should be compared, using Fisher's test, to all 2^Q sub-models. Using feature ranking with the Gram-Schmidt method as explained above, the number of comparisons can be reduced to Q .

Relation between the probe feature method and Fisher's test

In the previous section, it was proved that, at iteration n of the procedure, $\cos^2\phi_n$ obeys a Beta distribution with $a = 1/2$ and $b = (N - n - 1)/2$ (relation 2 with $v = N - n$). If a random variable X is distributed with a Beta law, then $\frac{bX}{a(1-X)}$ obeys a Fisher law with $2a$ and $2b$ degrees of freedom. Therefore, the random variable

$$(N - n - 1) \frac{\cos^2\phi_n}{1 - \cos^2\phi_n} = \frac{N - n - 1}{\tan^2\phi_n}$$

obeys a Fisher law with 1 and $N - n - 1$ degrees of freedom.

At iteration n of the procedure, a model with $n - 1$ parameters is available. Assume that we want to perform Fisher's test to compare the n -parameter model obtained by adding the next parameter in the ranked list to the model with $n - 1$ parameters (assuming that the complete model contains the regression). From relation (7), the random variable

$$R = \frac{N - n - 1}{1} \frac{\|\mathbf{y}_p^{n-1} - \mathbf{y}_{n-1}\|^2 - \|\mathbf{y}_p^{n-1} - \mathbf{y}_n\|^2}{\|\mathbf{y}_p^{n-1} - \mathbf{y}_{n-1}\|^2} \quad (8)$$

should be a Fisher variable with 1 and $N - n - 1$ degrees of freedom, where \mathbf{y}_p^{n-1} is the projection of the output considered at iteration n , \mathbf{y}_n and \mathbf{y}_{n-1} are the outputs of the models with n and $n - 1$ variables respectively. At iteration n , all vectors of interest are in a space of dimension $N - n + 1$, and the least-squares solution of the model with $n - 1$ parameters lies in the null space of that space, so that $\mathbf{y}_{n-1} = 0$. Moreover, \mathbf{y}_n is the projection of \mathbf{y}_p^{n-1} onto the direction of the selected feature, so that the angle between those vectors is ϕ_n .

Therefore,

$$\|\mathbf{y}_p^{n-1} - \mathbf{y}_n\|^2 = \|\mathbf{y}_p^{n-1}\|^2 \sin^2 \phi_n$$

and

$$R = \frac{N - n - 1}{\tan^2 \phi_n}$$

Hence, the random variable that is used to discriminate between the null hypothesis and the alternative one can be derived from the probe feature method. The latter thus appears as an alternative to Fisher's test, which (i) gives the model designer a clear explanation as to why features should be discarded (given the available data) and (ii) does not rely on the assumption that the complete model actually contains the regression.

References

- A. Bjoerck. Solving linear least squares problems by gram-schmidt orthogonalization. *Nordisk Tidshrift for Informationsbehandling*, 7:1–21, 1967.
- N. Bodor, M. J. Huang, and A. Harget. Neural network studies. 3. prediction of partition coefficients. *J. Mol. Struct. (Theochem.)*, 309:259–266, 1994.
- C. Breneman, K. Bennett, M. Embrechts, S. Cramer, M. Song, and J. Bi. Descriptor generation, selection and model building in quantitative structure-property analysis. In J. Crawse, editor, *Experimental Design for Combinatorial and High Throughput Materials Development*. Wiley (to be published), 2002.
- S. Chen, S.A. Billings, and W. Luo. Orthogonal least squares methods and their application to non-linear system identification. *International Journal of Control*, 50:1873–1896, 1989.
- S. Chen, F. Cowan, and P. Grant. Orthogonal least squares learning algorithm for radial basis function networks. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 2:302–309, 1991.

- J. de Lagarde. *Initiation à l'analyse des données*. Dunod, Paris, 1983.
- A. Duprat, T. Huynh, and G. Dreyfus. Towards a principled methodology for neural network design and performance evaluation in qsar; application to the prediction of logp. *J. Chem. Inf. Comp. Sci.*, 38:586–594, 1998.
- G. C. Goodwin and R.L. Payne. Dynamic system identification: Experiment design and data analysis. *Mathematics in Science and Engineering*, Academic Press, 136, 1977.
- I. Guyon, J. Weston, S. Barnhill, and V. Vapnik. Gene selection for cancer classification using support vector machines. *Machine Learning*, 46:389–422, 2002.
- C. Hansch and A. Leo. Exploring qsar, fundamentals and applications in chemistry and biology. *American Chemical Society*, 1995.
- H. Jing and E. Tzoukermann. Information retrieval based on context distance and morphology. In *Proceedings of the 22nd Annual International Conference on Research and Development in Information Retrieval (SIGIR '99)*, pages 90–96, 1999.
- I. J. Leontaritis and S. A. Billings. Model selection and validation methods for non-linear systems. *International Journal of Control*, 45:311–341, 1987.
- G. Monari. *Sélection de modèles non linéaires par leave-one-out. Etude théorique et application au procédé de soudage par points*. PhD thesis, Université Pierre et Marie Curie, 1999.
- G. Monari and G. Dreyfus. Withdrawing an example from the training set: an analytic estimation of its effect on a nonlinear parameterised model. *Neurocomputing*, 35:195–201, 2000.
- G. Monari and G. Dreyfus. Local overfitting control via leverages. *Neural Computation*, 14(6): 1481–1506, 2002.
- A. Mood, F. A. Graybill, and D. C. Boes. *Introduction to the Theory of Statistics*. MacGraw-Hill International, 1974.
- R. H. Myers. *Classical and Modern Regression with Applications*. Duxbury Press, 1990.
- L. Oukhellou, P. Akinin, H. Stoppiglia, and G. Dreyfus. A new decision criterion for feature selection: Application to the classification of non destructive testing signatures. In *European Signal Processing Conference (EUSIPCO'98)*, 1998.
- Y. Oussar. *Réseaux d'ondelettes et réseaux de neurones pour la modélisation statique et dynamique de processus*. PhD thesis, Université Pierre et Marie Curie, 1998.
- Y. Oussar and G. Dreyfus. Initialization by selection for wavelet network training. *Neurocomputing*, 34:131–143, 2000.
- R. Reed. Pruning algorithms – a survey. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 4:740–747, 1993.
- T. Soederstroem. On model structure testing in system identification. *International Journal of Control*, 26:1–18, 1977.

- H. Stoppiglia. *Méthodes Statistiques de Sélection de Modèles Neuronaux ; Applications Financières et Bancaires*. PhD thesis, Université Pierre et Marie Curie, Paris, 1997.
- M. Stricker. *Réseaux de neurones pour le traitement automatique du langage : conception et réalisation de filtres d'informations*. PhD thesis, Université Pierre et Marie Curie, Paris, 2000.
- M. Stricker, F. Vichot, G. Dreyfus, and F. Wolinski. Two-step feature selection and neural network classification for the trec-8 routing. In *Proceedings of the Eighth Text Retrieval Conference*, 1999.
- D. Urbani, P. Roussel-Ragot, L. Personnaz, and G. Dreyfus. The selection of neural models of non-linear dynamical systems by statistical tests. In J. Vlontzos, J.Hwang, and E. Wilson, editors, *Neural Networks for Signal Processing IV*, pages 229–237, 1993.
- P. Vincent and Y. Bengio. Kernel matching pursuit. *Machine Learning*, 48:165–187, 2001.
- J. Weston, S. Mukherjee, O. Chapelle, M. Pontil, T. Poggio, and V. Vapnik. Feature selection for svms. In *Neural Information Processing Systems 14*, 2001.
- F. Wolinski, F. Vichot, and M. Stricker. Using learning-based filters to detect rule-based filtering obsolescence. In *Proceedings RIAO'2000*, 2000.

Résumé

L'enregistrement Holter (enregistrement électrocardiographique de 24 heures) est un examen très fréquemment utilisé en cardiologie. Parmi les 100 000 battements enregistrés, seul un petit nombre d'entre eux peut traduire la présence d'une pathologie sous-jacente ; l'analyse automatique est donc indispensable.

Les outils actuels fonctionnent sur le principe d'un système expert, robuste, mais peu adaptatif et essentiellement limité à la détection et la classification des signaux de dépolarisation ventriculaire. Une analyse plus détaillée des signaux cardiaques permet une bien meilleure détection de nombreuses pathologies, en particulier grâce à l'extraction des signaux d'origine auriculaire et des ondes de repolarisation.

Nous proposons dans cette thèse une méthode de décomposition mathématique originale des battements cardiaques sur une base de fonctions appelées « bosses ». Contrairement aux régresseurs classiques utilisés en modélisation (ondelettes, RBF,...), les bosses sont des fonctions prévues pour modéliser chaque onde caractéristique du battement cardiaque (les ondes P, Q, R, S et T).

Chaque battement de l'enregistrement est ainsi décomposé en bosses ; puis les labels médicaux P, Q, R, S et T leur sont attribués par des classifieurs (réseaux de neurones).

Disposant alors de l'emplacement et de la forme des toutes les ondes caractéristiques pour l'ensemble de l'ECG, nous pouvons désormais repérer automatiquement des anomalies comme l'inversion de l'onde P, jusqu'alors non détectées par les algorithmes sur les enregistrements de longues durées.

Cette approche a été testée sur de nombreuses bases de données et a montré toute son efficacité par rapport aux méthodes actuelles de détection d'anomalies.

Abstract

The Holter recording technique (24-hour electrocardiogram) is an important tool for non-invasive electrocardiology. A Holter record features at least 100,000 heart beats, but a heart anomaly can be expressed by only a few of them. Therefore, a fully automated analysis is desirable as a computer-aided diagnosis tool.

In this thesis, we propose a mathematical decomposition of each individual heart beat using a dedicated family of regressors (called "bumps"). Each bump has five adjustable parameters. Unlike conventional regressors (wavelet, RBF,...), bumps are designed to fit the usual cardiac "waves" as defined by cardiologists (P, Q, R S and T waves) ; the shape and position of these waves are the basis of the experts' diagnostics. Since each wave is fitted by a single bump (possibly two), not only the number of parameters needed to model the relevant information is parsimonious, but the decomposition meets the intelligibility requirements of automated medical diagnostics tools.

Once all the cardiac waves of a heart beat are decomposed into bumps, classifiers (neural nets) assign a "medical" label to each bump. Having the position and the shape of all the characteristic waves, we can automatically detect anomalies such as P wave inversion, whose automatic detection was not feasible previously.

This approach was tested on several international databases, showing the efficiency of our method and it is showed that our approach outperforms existing ones in several respects.