

DECOMPOSITION DU SIGNAL EMG PAR
GENERATION D'HYPOTHESES DE LOCALISATION
TEMPORELLE DES CONSTITUANTS

J.J. BELLANGER, M. GARREAU

Laboratoire de traitement du signal et de l'image, Campus de
Beaulieu, Université de Rennes 1, 35042 Rennes Cédex

RÉSUMÉ

Résumé : La décomposition du signal électromyographique de contraction faible a pour objectif d'identifier le nombre de trains de potentiels d'unités motrices et toutes les occurrences de ces potentiels dans le temps y compris dans les mélanges. Cet article précise les hypothèses de travail servant de base à toute modélisation et situe les approches possibles en terme de la théorie de la décision. Une méthode de résolution sous optimale et non séquentielle est ensuite proposée qui procède par génération d'intervalles de confiance et d'hypothèses sur les constituants des formes superposées.

I - Introduction

Le signal électromyographique enregistré par électrode aiguille est généralement représenté par :

$$X(t) = \sum_{j \in J} \sum_{i \in I(j)} h_{j,i}(t - t_{j,i}) + P(t) \quad , \quad t \in T \quad (1)$$

où :

- T est un intervalle d'observation.
- $P(t)$ représente un ensemble de perturbations
- $t_{j,i}$ est l'instant d'apparition du $i^{ème}$ signal produit par l'unité motrice (UM) $n^o j$ sur l'intervalle T .

En contraction faible, après préfiltrage et segmentation, ce signal s'écrit sous la forme d'une somme de mélanges à support disjoints :

$$X_p(t) = \sum_{m \in M_o} M_m(t - t_m) \quad (2)$$

où les t_m correspondent à des instants localisant l'apparition des formes M_m sur l'échelle des temps, comme par exemple leurs instants de début. Le terme mélange est à prendre ici dans un sens général, M_m pouvant éventuellement s'identifier à un seul terme $h_{j,i}$. Le but de l'analyse de signaux considérés peut, suivant le cas, être :

- a) Une description la plus fine possible d'un signal prélevé sur un terrain normal (sain).
- b) La mise en évidence, à partir d'un signal donné, d'anomalies du système neuro-musculaire.

Les cas a) et b) amènent, de manière standard, à l'utilisation de méthodes visant à décomposer le signal prétraité (2) sur la base du modèle (1) complété par des hypothèses sur les formes $h_{j,i}$ et les instants $t_{j,i}$. Le choix de ces dernières conditionne évidemment la méthode de décomposition retenue.

Le travail présenté ici porte sur ces méthodes selon l'ordre suivant :

- Modélisation statistique des signaux et des problème de décision correspondants (II).
- Interprétation des travaux de [1] et [2] qui sont représentatifs des approches connues (III).
- Présentation d'une méthode sous optimale et non séquentielle basée sur la génération et l'utilisation d'hypothèses contrôlées par un système de haut niveau.

ABSTRACT

Abstract : The decomposition of the low contraction electromyographic signal is aimed at the identification of the motor unit action potential trains and all their time occurrences. This paper presents the hypotheses on which a modeling can be based and defines the possible approaches in terms of decision theory. A suboptimal and non sequential method is then proposed. It acts through the generation of confidence intervals and hypotheses related to the constituents of superimposed waveforms.

II - Modélisations

II.1 - Modélisation des signaux

Dans le cadre a) de I on adopte généralement comme modélisation du signal observé $X(t)$, $t \in T$ formalisé par (1) les hypothèses statistiques suivantes :

- $P(t)$ est la somme d'un bruit d'instrumentation $B(t)$, d'une activité myographique de fond et d'artefacts liés aux mouvements imprévisibles de l'électrode. Ces derniers sont des signaux impulsionnels aléatoires qui, du fait de leur imprévisibilité, sont parfois considérés comme intervenant aux instants d'un processus de Poisson, de paramètre $\lambda_P(t)$ évidemment non connu de manière précise.

- Les suites $(t_{j,i})$ correspondent à des processus de renouvellement localement stationnaires, de lois d'intervalle pouvant être correctement approchées par des répartitions gaussiennes de paramètres m_j et σ_j . Les suites $(t_{j,i})$, $j \in J$, sont considérées comme étant indépendantes entre elles. La validité de ces hypothèses est considérée par exemple dans [1].

- Les formes $h_{j,i}(t)$ sont aléatoires, telles que les termes:

$$\tilde{h}_{j,i}(t) = h_{j,i}(t) - E\{h_{j,i}(t)\}$$

sont indépendants et, en moyenne, de faible énergie relativement à celle des termes $h_j(t) = E\{h_{j,i}(t)\}$

$$\forall j \quad E \left\{ \left\| \tilde{h}_{j,i}(t) \right\|^2 \right\} \ll \|h_j(t)\|^2 \quad (3)$$

où $\|S(t)\|^2$ désigne l'énergie du signal $S(t)$.

Les termes h_j sont introduits comme indépendants de l'indice i pour caractériser la stabilité morphologique des UM . On peut cependant prévoir, même dans des situations non pathologiques, une certaine dérive morphologique au cours du temps. Il en est de même des paramètres statistiques des quantités $\tilde{h}_{j,i}(t)$ et du caractère stationnaire des intervalles $t_{j,i+1} - t_{j,i}$: l'indépendance vis à vis de i n'est qu'une approximation valable sur un horizon temporel plus ou moins vaste.

On suppose de plus que :

- $\forall j, m_j/\sigma_j \gg 1$, et que, en notant L_j la longueur du support temporel de h_j , on a

$$\sup_{j \in J} (L_j) \ll \inf_{j \in J} (m_j)$$



Dans le cadre b) on reprend le modèle (1) en envisageant, en tout ou partie, et par rapport à a), les différences suivantes :

i) *Instabilité de l'ensemble des UM actives.*

A tout instant on peut avoir, démarrage, disparition, réapparition de l'activité d'une UM.

ii) *Instabilité des instants d'occurrences des potentiels d'unités motrices (PUM).*

A j donné la suite $t_{j,i}$ peut ne plus correspondre à un processus de renouvellement stationnaire. Si on considère des ruptures brutales dans les intervalles on retrouve des situations du type i).

iii) *Instabilité morphologique*

Pour un j donné et tout en considérant la suite $t_{j,i}$ associée comme étant ou non stationnaire, les formes $h_{j,i}(t)$ peuvent être très aléatoires, l'inégalité (3) devenant fausse.

Les instabilités ii) et iii) pouvant intervenir sur seulement un sous ensemble J qui peut, lui même, être instable, le caractère pathologique du signal observé pourra être prédominant, négligeable, ou atteindre des degrés variés.

II.2 - Modélisation des problèmes de décision

◇ Situations normales

Sur la base de la modélisation (1) complétée par les hypothèses introduites en II.1 et d'une observation de la forme (2) le problème général de décision posé est de déterminer :

i) Le nombre d'UM actives $Card(J)$ et, pour $j \in J$:

ii) Les PUM moyens $h_j = E\{h_{j,i}\}$

iii) Les suites $(t_{j,i})$ d'instants d'occurrence des PUM

iv) Les paramètres d'intervalles σ_j et m_j

On veut donc produire des estimations correspondantes: $\widehat{Card}(J)$, \hat{h}_j , $\hat{t}_{j,i}$, $\hat{\sigma}_j$, \hat{m}_j pour $j \in \hat{J}$, où $\hat{J} = \{1, 2 \dots \widehat{Card}(J)\}$, en s'appuyant sur les seules informations a priori :

- J est non vide

- Les $(t_{j,i})$ correspondent à des processus de renouvellement quasi-stationnaires .

- Le caractère transitoire (impulsionnel) et donc à support borné des formes h_j et d'une partie des perturbations (artéfacts).

Il est clair qu'on ne peut pas construire ici une procédure ayant un caractère globalement optimal, au sens de la théorie de la décision statistique, pour estimer simultanément tous les paramètres recherchés sur la base d'une observation (2). En situation de contraction faible on peut cependant émettre une hypothèse supplémentaire : pour certaines valeurs de m dans M_o , $\mathcal{M}_m(t - t_m)$ s'identifie à $h_{j,i}(t - t_{j,i}) + P(t)$ pour un certain couple (j, i) . Elle est importante car sa négation rend le problème excessivement complexe à résoudre, même de manière heuristique. Elle peut être exploitée en adoptant un processus de décision hiérarchisé qui, dans une première étape cherchera les PUM isolés et à en déduire des premières estimations \hat{h}_j , pour un nombre d'indices j le plus grand possible, l'ordre de la numérotation $1, 2 \dots N_o$ étant évidemment arbitraire.

On peut pour cela utiliser en amont un algorithme de formation de classes avec création de leurs gabarits respectifs qui seront interprétés dans la suite du processus comme des pré-estimations \hat{h}_j , $j = 1, 2 \dots N_o$. Cette étape a déjà reçu des solutions [5].

Une autre hypothèse réaliste en contraction faible, est qu'un mélange \mathcal{M}_m ne contient au plus qu'un PUM de numéro j donné et qu'on peut donc écrire :

$$X_p(t) = \sum_{m \in M_o} \sum_{j \in J_m} h_{j,i(m)}(t - t'_{m,j}) + P(t) \quad (4)$$

où J_m correspond à l'ensemble des PUM actives dans \mathcal{M}_m et $t'_{m,j}$ à l'instant d'apparition du PUM de numéro j dans \mathcal{M}_m . On sait évidemment qu'il existe une valeur i telle que $t'_{m,j}$

s'identifie à $t_{j,i}$, et l'identification des $t'_{m,j}$ dans (4) correspond biunivoquement à l'identification des $t_{j,i}$ dans (1).

A l'issue de l'étape de classification $X_p(t)$ peut être réécrit sous la forme :

$$X_p(t) = \sum_{m \in MCM_o} \mathcal{M}_m(t - t_m) + \sum_{m \in \bar{M}} \hat{h}_{j(m)}(t - t'_{m,j}) + R_o(t) \quad (5)$$

avec $\{j(m) \mid m \in \bar{M}\} = \{1 \dots N_o\}$

où M est l'ensemble des mélanges non identifiés à un seul PUM, \bar{M} est le complémentaire de M dans M_o et où le résidu $R_o(t)$ est différent de $P(t)$ dans (1). Une deuxième étape de la procédure de décision doit permettre d'aboutir à une réécriture des $\mathcal{M}_m(t - t_m)$:

$$\mathcal{M}_m(t - t_m) = \sum_{j \in J_m} \hat{h}_j(t - \hat{t}'_{m,j}) + R_m(t) \quad (6)$$

où $R_m(t)$ est le résidu (erreur dans la reconstruction de \mathcal{M}_m). Les ensembles J_m devant être inclus dans $\{1 \dots N_o\}$, si certains mélanges contiennent des PUM non identifiées dans l'étape de classification, (6) ne pourra pas être obtenu pour toutes les valeurs de m dans M . Ceci conduira à une réécriture :

$$X_p(t) = \sum_{m \in M_1} \mathcal{M}_m(t - t_m) + \sum_{m \in M_2} \sum_{j \in J_m} \hat{h}_j(t - \hat{t}'_{m,j}) \quad (7)$$

$$+ \sum_{m \in \bar{M}} \hat{h}_{j(m)}(t - t'_{m,j}) + R(t)$$

avec $M_1 \cup M_2 = M$ et $M_1 \cap M_2 = \emptyset$.

Nous allons à présent nous intéresser à une formulation statistique de ce problème basée sur l'existence de lois de probabilités pour les suites $(t_{j,i})$ et $(h_{j,i})$ et examiner quelles sont les possibilités de solution pour des méthodes du type maximum de vraisemblance.

On se place d'emblée dans un contexte discret : la variable t et les quantités $t_{j,i}$, $t'_{m,j}$... seront considérées à valeurs dans \mathbb{Z} . On se placera de plus dans un cas plus général en introduisant une suite (F_m) $m \in M_o$ de vecteurs paramètres extraits des \mathcal{M}_m par une méthode quelconque.

On adoptera les notations suivantes :

- $M_o \triangleq \{1, 2 \dots K\}$

- $\underline{E}_k \triangleq \{E_1 \dots E_k\}$ pour une suite

(E_i) à valeurs dans un ensemble quelconque.

- $\theta_{j,i} = t_{j,i+1} - t_{j,i}$ (variables aléatoires d'intervalles pour les suites $(t_{j,i})$) qui suivent toutes la loi d'une V.A. θ_j

- $\Delta_{m,j} = t'_{m,j} - t_m$ (variables aléatoires traduisant, par rapport à t_m , la position de la forme h_j dans \mathcal{M}_m)

- $\Delta_m = \{\Delta_{m,j}, j \in J_m\}$

On notera d'autre part les lois $P_X(\cdot)$, $P_{X/Y}(\cdot)$ sous la forme plus condensée $P(X)$ et $P(X/Y)$ pour des quantités aléatoires X et Y ; la lettre P désignera suivant le contexte la densité de probabilité d'une quantité aléatoire à caractère continu ou la loi d'une quantité aléatoire à caractère discret. A la quantité $\text{Arg max}_x P_{X/Y}(x)$ sera associée formellement l'écriture $\text{Arg max}_X P(X/Y)$.

Considérons l'estimation globalement sur l'ensemble de tous les mélanges observés et recherchons une décomposition dans laquelle M_1 dans (7) ne doit correspondre qu'à des formes \mathcal{M}_m entièrement contenues dans $P(t)$ (J_m vide). Plaçons nous de plus dans un cas où J , les σ_i et les m_i seraient connus et où on disposerait d'estimations $\hat{h}_j \forall j \in J$. Le problème à résoudre alors est de produire des estimations \hat{M}_2 , \hat{J}_m pour $m \in \hat{M}_2$ et les $\hat{t}'_{m,j}$ (ou de manière équivalente les $\hat{\Delta}_{m,j}$) correspondants. Considérons l'observation $(\underline{F}_K, \underline{t}_K)$ et les quantités à estimer $(\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K)$. En appliquant la stratégie du max de vraisemblance, on recherche, formellement :

$$\text{Arg max}_{\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K} P(\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K / \underline{F}_K, \underline{t}_K) \quad (8)$$

Si on considère que les \underline{F}_K sont conditionnellement indépendants à $(\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K)$ fixé, on en déduit que (8) se ramène à :

$$\text{Arg max}_{\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K} \left\{ \left(\prod_{m \in M} \underbrace{P(F_m / \Delta_m, J_m)}_{(\alpha)} \right) \underbrace{P(\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K / t_K)}_{(\beta)} \right\} \quad (9)$$

où (α) prend en compte les informations morphologiques et (β) ne tient compte que d'informations temporelles. Un calcul permet de vérifier que (β) , à un facteur multiplicatif indépendant de $(\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K)$ près est égal à une quantité (δ) et que (9) se traduit par :

$$\text{Arg max}_{\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K} \left\{ \prod_{m \in M} P(F_m / \Delta_m, J_m) \times \prod_{m \in M} \underbrace{P(F_m, \Delta_m, t_m / t_{m-1}, \underline{J}_{m-1}, \underline{\Delta}_{m-1})}_{(\delta)} \right\} \quad (10)$$

(10) évalue la vraisemblance des hypothèses $(\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K)$ suivant lesquelles, pour tout m , M_m contient au moins une des formes déjà identifiées. Des hypothèses supposant qu'un ou plusieurs mélanges M_m ne comportent que du bruit peuvent être évaluées en substituant à (α) un terme du type $P(F_m / M_m = \text{bruit seul})$, en "effaçant" la (les) paire(s) (J_m, Δ_m) dans la suite $(\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K)$ pour le calcul de (β) et, dans le cas d'une prise en compte d'artéfacts, en substituant à (δ) un terme déduit de leur fréquence moyenne d'apparition.

En notant $P_j(a | b) \triangleq \text{Pr}\{\theta_j = a / \theta_j > b\}$, $F_j(a | b) \triangleq \text{Pr}\{\theta_j > a / \theta_j > b\}$ et $\rho_m = \text{Sup}_{j \in J_m} \{t_m + \Delta_{m,j}\}$

(δ) se trouve être égal à :

$$\prod_{j \in J_m} P_j(t_m + \Delta_{m,j} - \text{last}_m(j) | \rho_{m-1} - \text{last}_m(j)) \times \prod_{j \notin J_m} F_j(\rho_m - \text{last}_m(j) | \rho_{m-1} - \text{last}_m(j)) \quad (11)$$

où $\text{last}_m(j)$ désigne la dernière date d'apparition de la forme h_j antérieurement au mélange m . En prenant le logarithme de (9) et en notant (11) par $Q(J_m, \Delta_m / m_-)$ où m_- symbolise la dépendance vis à vis du passé, on aboutit au problème :

$$\text{Arg max}_{\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K} \sum_{m \in M} \ln(P(F_m / \Delta_m, J_m)) + Q(J_m, \Delta_m / m_-) \quad (12)$$

qui peut être interprété comme la recherche d'un chemin optimal dans un treillis où, à chaque étape m , on doit décider de passer par l'une des valeurs possibles de (Δ_m, J_m) . Même en tenant compte des simplifications amenées par le choix immédiat de (Δ_m, J_m) quand $m \in \bar{M}$ et des solutions éliminées quand $P(F_m / \Delta_m, J_m)$ est nul, l'espace de recherche à parcourir pour aboutir à une solution optimale reste très vaste. Et bien que l'expression de (11) puisse être simplifiée en éliminant tous les termes en F_j (sauf pour le dernier) quand on l'intègre dans (9), la quantité de calculs à réaliser sera souvent prohibitive si on procède à un examen exhaustif des chemins dans le graphe. Une méthode sous optimale susceptible d'éliminer "intelligemment" de nombreuses solutions aberrantes devra être utilisée. Notons enfin que l'algorithme de Viterbi (programmation dynamique) ne peut être appliqué directement à (12), l'influence des termes $\text{last}_m(j)$ introduisant

une mémoire qui détruit en général l'indépendance conditionnelle entre les niveaux m et $m - p$, $p > 1$ pour (Δ_{m-1}, J_{m-1}) donné.

Si on considère à présent que les σ_i et m_i ne sont connus que par des estimations $\hat{\sigma}_i$ et \hat{m}_i , ces dernières peuvent être utilisées pour évaluer les probabilités d'intervalles dans (11). Une fois (9) résolu par un algorithme quelconque, de $\hat{\Delta}_{m,j}$ peuvent être déduites des estimations $\hat{t}_{m,j} = \hat{\Delta}_{m,j} + t_j$ et il sera possible d'en tenir compte pour retoucher les $\hat{\sigma}_i, \hat{m}_i$. En injectant ces dernières valeurs dans (9) on peut donc recommencer le processus. Cette approche s'apparente aux méthodes EM (Estimate Maximise) si on considère une observation $X_p(t)$, des paramètres à estimer σ_i, m_i et si on assimile les $t_{j,i}$ aux données cachées. Des heuristiques de contrôle peuvent cependant être nécessaires pour assurer la convergence.

Il est plus délicat de traiter le cas où on ne dispose que de \hat{J} à la place de J . Cela signifie qu'on accepte l'idée qu'il existe des formes h_j , $j > N_0$ non encore reconnues. La procédure décrite ci-dessus doit alors être rendue plus "intelligente" en injectant cette hypothèse dans le modèle de décision et en rendant l'algorithme associé apte à une forme d'apprentissage.

◊ Situations pathologiques

En dehors de pathologies conservant le caractère stationnaire de $X(t)$, on ne peut espérer construire un modèle de décision statistique sur la base d'une modélisation complète des signaux pathologiques (le modèle comporterait trop de paramètres).

L'approche que l'on peut alors préconiser est liée à l'idée qu'un enregistrement peut être la somme de signaux pathologiques et de signaux générés par des UM saines. Il faut rechercher ces derniers par des algorithmes tenant compte a priori de l'existence possible de parties aberrantes. Une deuxième étape, utilisant la connaissance acquise sur les UM saines ainsi que des informations de plus haut niveau, doit alors être dédiée à l'extraction d'informations dans les zones du signal présentant des anomalies.

III - Examen de deux méthodes existantes

Dans le cadre de la présentation du paragraphe II on peut interpréter les travaux de [1] et [2] qui font explicitement usage d'outils de décision statistique.

◊ Commentaires sur [1]

La méthode qui y est proposée relève directement de la présentation faite en II par l'introduction d'une fonction de vraisemblance pour l'ensemble des mélanges examinés. Elle se particularise sur les points suivants :

- $\forall m, \text{Card}(J_m)$ est considéré inférieur ou égal à 2
- Si $\text{Card}(J_m) = 2$, t_{m,j_1} et t_{m,j_2} étant les positions des deux formes h_{j_1} et h_{j_2} supposées présentes, la différence $|t_{m,j_1} - t_{m,j_2}|$ est supposée bornée par une valeur faible ($\simeq 5$ ms), ce qui amène un allègement considérable des calculs en supprimant dans le modèle les paramètres $\Delta_{m,j}$.
- Il est prévu explicitement, en plus des h_j , $j = 1 \dots N_0$ considérées comme reconnues à l'initialisation, des hypothèses du type : le mélange examiné peut contenir un potentiel h_j , $j > N_0$, non encore rencontré.

• La recherche du chemin optimal dans le treillis est séquentialisée de la gauche vers la droite par le fait que, à l'étape m , les valeurs de \hat{J}_{m-p} ne sont plus retouchées pour $p > 3$ et que quand on décide pour un mélange qu'il contient une forme nouvelle, cette dernière n'est pas réutilisée sur la portion de signal déjà examinée.



◇ Commentaires sur [2]

Cette méthode est explicitement séquentielle dans sa formulation : on ne minimise pas une vraisemblance globale mais on procède à une suite de décisions à caractère localement optimal en utilisant de manière probabiliste les résultats des décisions antérieures. En effet, pour un mélange m examiné, on utilise l'information statistique temporelle apportée par les $\hat{t}_{m-p,j}$, $p > 0$ déjà évaluées et (ce qui participe à l'originalité de la méthode) on prend en compte pour évaluer la probabilité de présence d'une forme donnée, les probabilités de non détection fausse (pour cette forme) dans les mélanges précédemment examinés. Cette précaution est utile car la détection de présence d'une forme h_j dans un mélange M_m est contrainte à un taux de fausse alarme très faible, ce qui correspond à dégager des "îlots de confiance" dans le vocabulaire de l'intelligence artificielle. Tout comme dans la méthode de [1], il est prévu, à l'examen de chaque nouveau mélange, la possibilité d'apparition d'une forme h_j non encore rencontrée.

Pour [1] comme pour [2], les algorithmes travaillent conditionnellement à des estimations $\hat{\sigma}_j, \hat{m}_j$ qui sont mises à jour séquentiellement au fur et à mesure de la production des $\hat{t}_{m,j}$. [2] ne semble pas, pour cela, tenir compte des probabilités de non détection fausse qui sont utilisées par ailleurs dans la suite des détections.

Pour [1] comme pour [2] il semble peu efficace de ne se baser, pour les estimations des σ_j et m_j que sur la seule partie de l'observation déjà examinée alors que, comme nous le proposons dans IV, des informations simples à extraire peuvent être disponibles au delà de cette zone. On notera que [2] prévoit explicitement un interrèaction avec l'utilisateur, ce qui pourrait être également introduit dans [1] au cours de la recherche dans le treillis.

IV - Méthode proposée

Il a été proposé par ailleurs ([3],[4]) une procédure d'analyse du signal $X_p(t)$ contrôlée par un système de haut niveau (SHN). Nous la rappelons ici brièvement dans l'essentiel.

Le SHN déclenche initialement une procédure de classification sur l'ensemble de l'observation à l'issue de laquelle il dispose d'informations $\hat{h}_j, \hat{t}_{m,j}$ pour $m \in \bar{M}$ jugées relativement sûres. Le SHN active ensuite les 2 étapes suivantes:

1) Détermination d'intervalles de confiance $\Theta_{m,j}$ pour des $t'_{m,j}$ ($m \notin \bar{M}$) basée sur une généralisation de la technique utilisée classiquement pour l'estimation de la moyenne d'un échantillon gaussien de variance inconnue. Par recoupelement avec les supports des M_m , on génère des hypothèses de présence dans les mélanges.

2) Recherche, à l'intérieur de $\Theta_{m,j}$ sélectionnés en 1) de la meilleure position pour les $h_{m,j}$, $j \notin \bar{J}_m$ (estimation de Δ_m) dans les mélanges avec acceptation définitive si la décomposition ainsi obtenue correspond à un résidu suffisamment faible (création d'un îlot de confiance).

Le SHN prend ensuite en compte le résultat des décompositions acceptées ($\hat{t}_{m,j}$, $m \notin \bar{M}$ et m décomposé) pour relancer l'étape 1). La procédure est donc itérative et est arrêtée sur l'un des critères suivantes :

- tous les mélanges ont été décomposés
- tous les mélanges non encore décomposés ne peuvent plus l'être sur la base des informations disponibles et des critères d'adéquation exigés.

La méthode n'est donc pas liée à une contrainte de séquentialité et peut ne déboucher que sur une décision partielle, qui, par contre, s'avère relativement sûre (ce qui est mieux que de provoquer une décision complète quand l'observation est insuffisante). Elle procède globalement sur l'ensemble du treillis en allant sélectionner les mélanges à décomposer

et les hypothèses à y considérer en priorité. On y met en oeuvre 2 idées importantes : orientation de la recherche par génération d'hypothèses et création d'îlots de confiance. Enfin pour situer par rapport à II.2, notons les points caractéristiques suivants :

- $(\underline{J}_K, \underline{\Delta}_K)$ n'est pas estimé par minimisation d'une quantité du type (10) qui prend en compte simultanément tous les mélanges.

- La procédure génère des hypothèses de présence et de localisation (J_m, Δ_m) pour certains m sur la base du modèle probabiliste des $(\theta_{j,i})$, sans faire un usage explicite d'estimations $\hat{\sigma}_j$ et \hat{m}_j , et qui peuvent ensuite, en s'appuyant sur les informations morphologiques F_m , être testées localement du fait de l'indépendance conditionnelle entre ces dernières.

Cette manière de faire ambitionne d'être un bon compromis pour utiliser efficacement le modèle mathématique de II.1.1 quand les paramètres temporels σ_j et m_j sont inconnus, et cela de manière adaptative en utilisant les fractions du signal les plus immédiatement analysables (direction par les données).

Conclusion

Sur la base d'une modélisation générale du signal EMG et malgré les simplifications introduites dans la littérature, les difficultés de mise en oeuvre d'une procédure de décision globalement optimale ont été soulignées. La complexité du problème justifie d'utiliser de manière simple et efficace une base probabiliste standard avec un contrôle assuré par un système haut niveau. La méthode proposée, et testée sur signaux simulés et réels [4], montre l'intérêt d'introduire des heuristiques intelligentes quand la notion d'optimalité globale n'est plus fondée.

Références :

- [1] Andreassen S., Interval pattern of single motor units, Aalborg University Press, 1978.
- [2] Lefever R.S., De Luca C.J., A procedure for decomposing the myoelectric signal in its constituent action potentials. I Technique and Implementation., IEEE Trans. Biomed. Eng. 29, 3, 1982, pp. 149-157.
- [3] Garreau M., Bellanger J.J., Coatrieux J.L., Forward-backward prediction of time occurrence for EMG multi-unit train decomposition, IEEE-EMBS Conference, Boston, Nov. 1987.
- [4] Garreau M., Bellanger J.J., Coatrieux J.L., Special Issue on Expert Systems in Medicine, J.L. Coatrieux Ed. Sept. 1987.
- [5] Garreau M., Signal, Image et Intelligence Artificielle. Application à la décomposition du signal électromyographique et à la reconstruction et l'étiquetage 3D de structures vasculaires. Thèse de l'Université de Rennes I, 1988.