

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 habituellement<sup>1</sup>

---

<sup>1</sup> 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 :

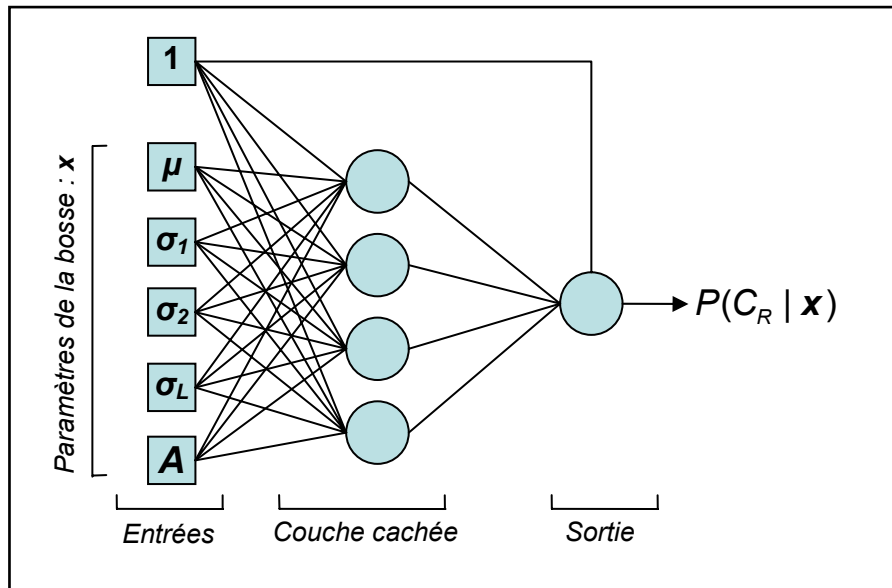
$$P(C_{\bar{R}}) = 1 - P(C_R) \quad \text{Eq. 1}$$

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.

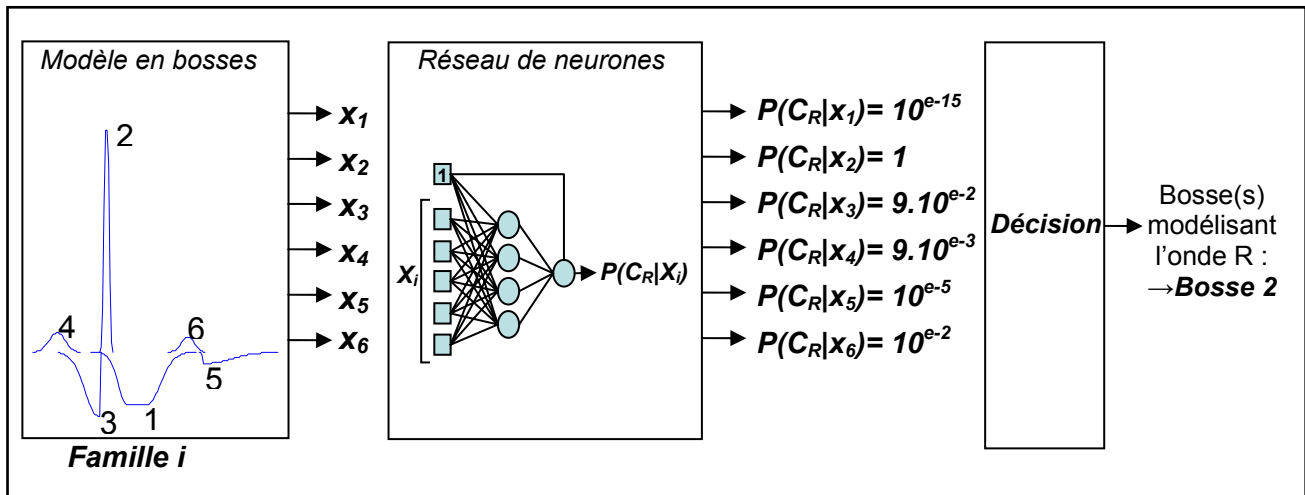


Figure 2 : Les 6 bosses du modèle de chaque famille sont analysées par le réseau de neurones, ce qui permet d'obtenir, pour chacune des bosses, la probabilité qu'elle modélise l'onde R. Une décision fonction de ces 6 probabilités permet de sélectionner la ou les boss(es) qui modélise(nt) l'onde R pour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

<sup>II</sup> 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 :

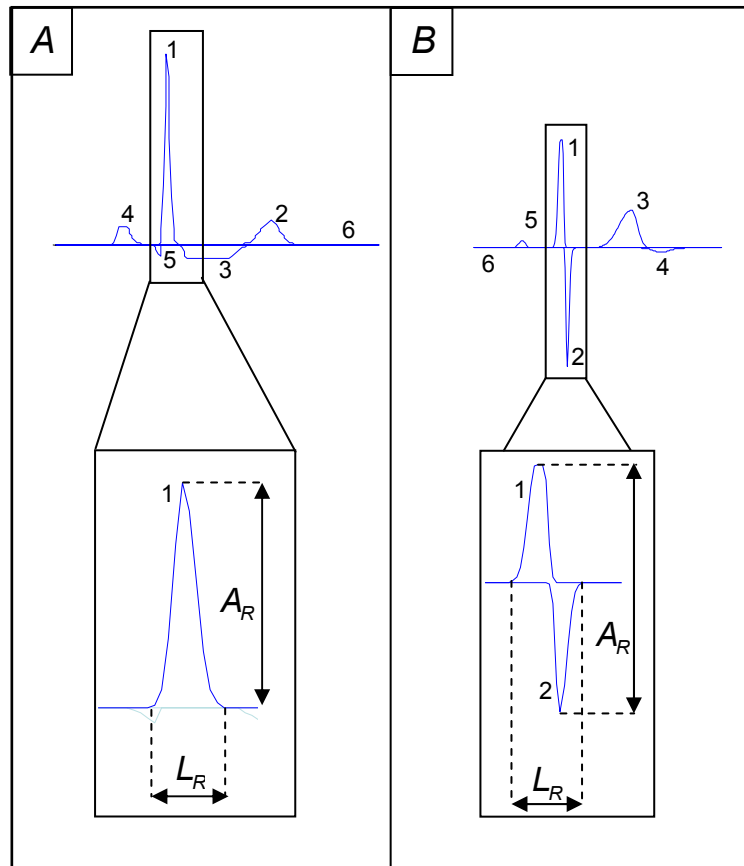
$$L_R = 2.\sigma^1 + 2.\sigma^2 + \sigma^L \quad \text{Eq. 2}$$

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 reparté 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

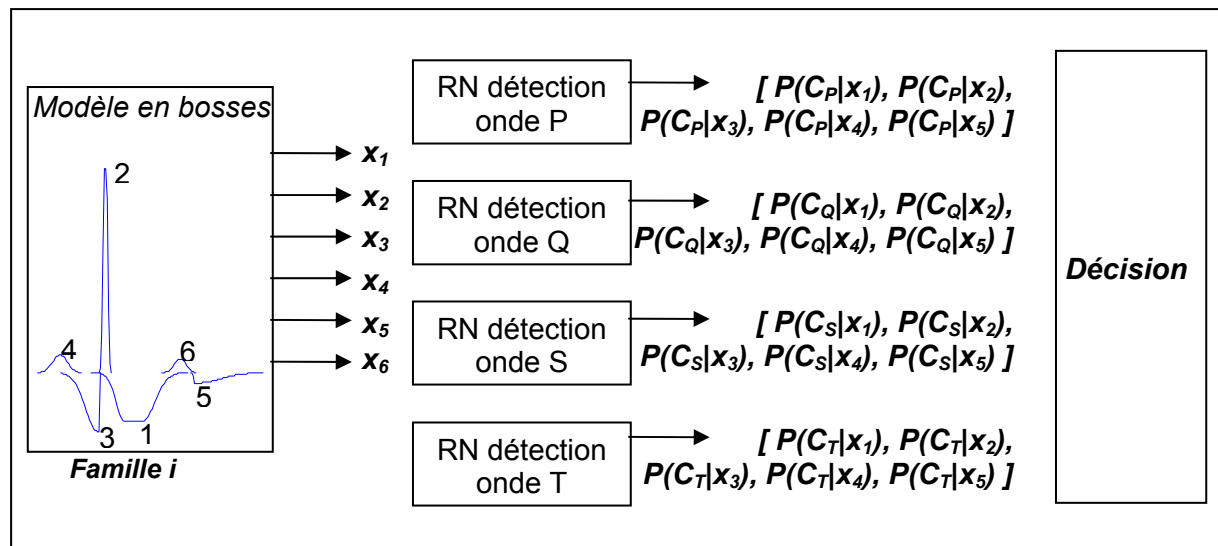
##### II.1.1.a Les réseaux de neurones pour identifier les ondes

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  $10^{-6}$ <sup>III</sup>.

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.

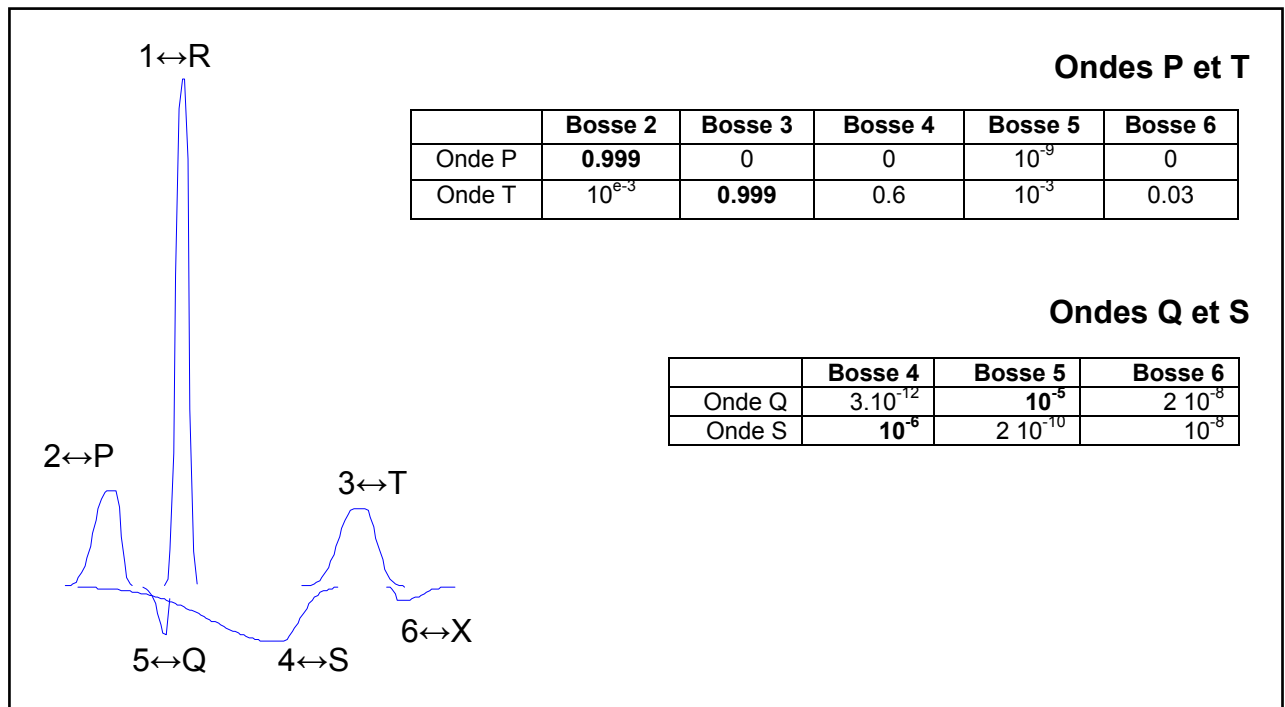


Figure 5 : Chaque bosse, au regard des probabilités qui lui ont été associées par les réseaux de neurones, se voit associer un label parmi les labels (P, Q, S, T et X) ; le label R de la bosse 1 a déjà été attribué.

### 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

<sup>III</sup> 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

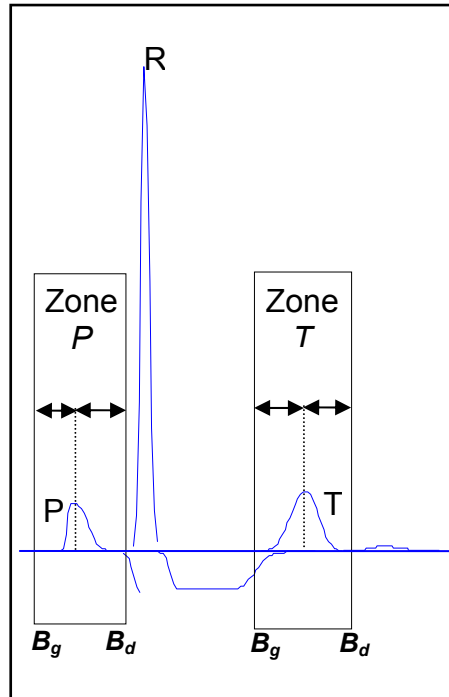


Figure 6 : Les bosses modélisant l'onde P d'une part et celles modélisant l'onde T d'autre part permettent de définir des zones caractéristique (une zone P, une zone T). C'est dans ces zones que sera recherché ensuite, pour chaque battement, l'emplacement précis de chacune de ces ondes.

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.

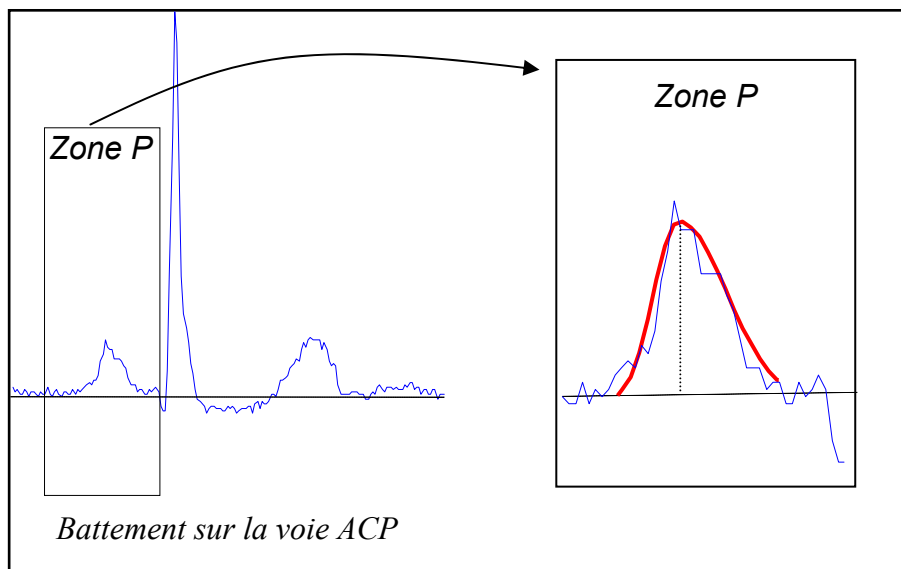
Pour chaque famille, après analyse des bosses du modèle qui lui correspond, nous disposons donc d'une zone localisant l'onde P et d'une zone localisant l'onde T.

### 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<sup>IV</sup>, 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.**

<sup>IV</sup> 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*<sup>V</sup>.

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<sup>VI</sup> : 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

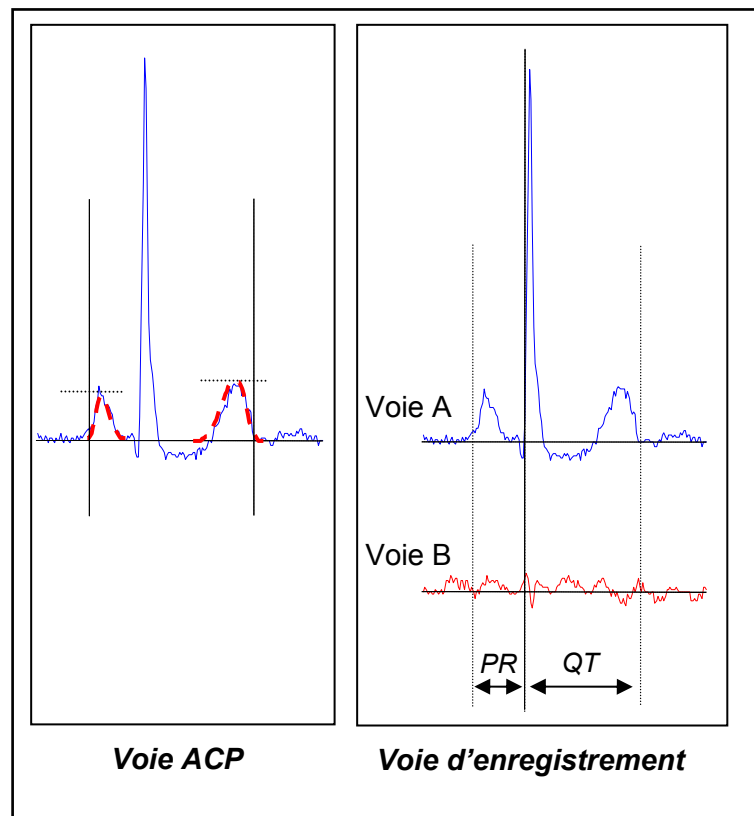
---

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.

---

<sup>V</sup> 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.

<sup>VI</sup> 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.

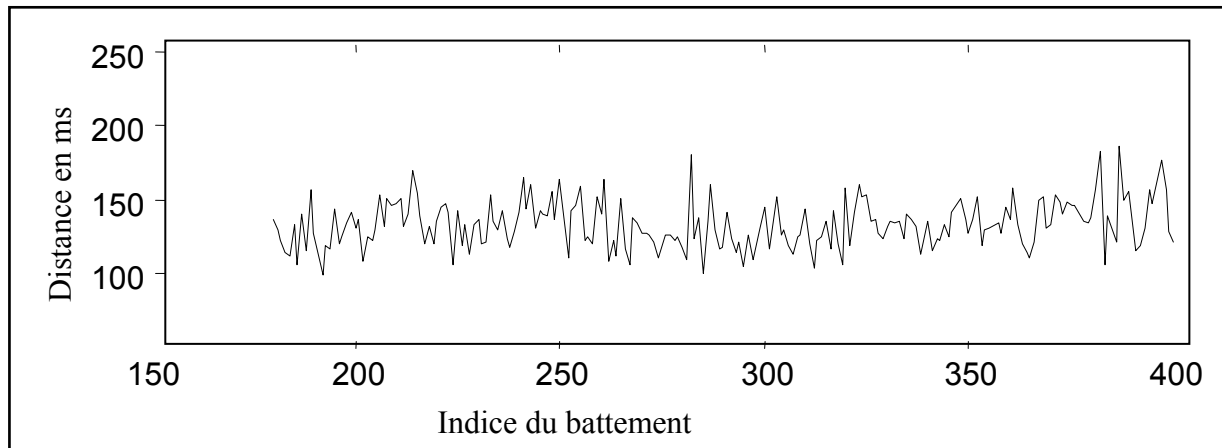


*Figure 8 : Les emplacements des ondes repérées sur la voie ACP sont directement appliqués au signal sur les voies d'enregistrements.*

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

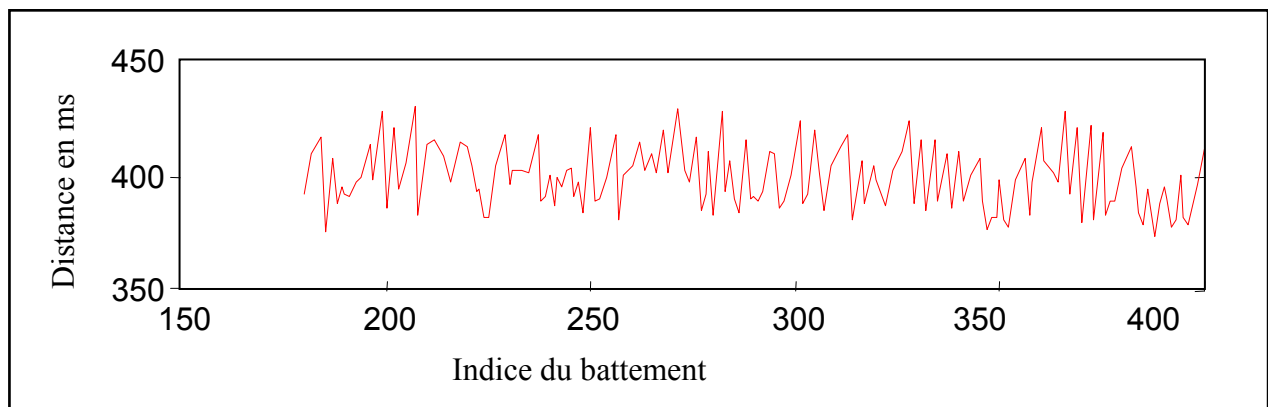
On présente sur la Figure 9 un exemple de courbe obtenue par notre analyse. Il s'agit ici de la distance entre l'onde P et l'onde R pour un peu plus de 200 battements. Ici les variations de quelques millisecondes sont physiologiques, et la distance est normale.



*Figure 9 : Distances PR calculées sur quelques battements de l'enregistrement MIT 220.*

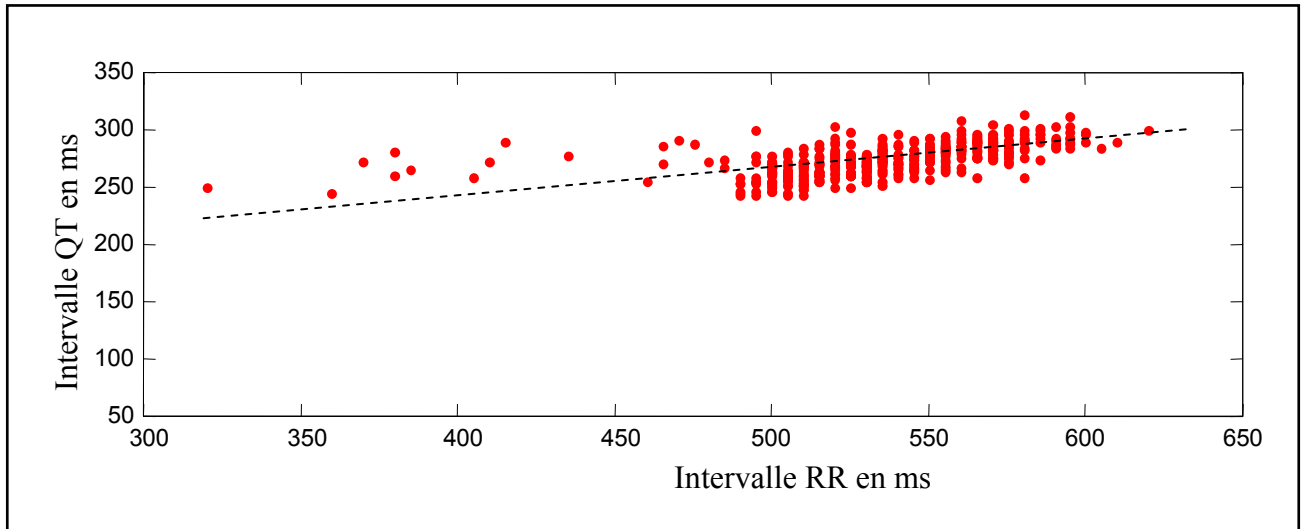
### III.2 Tracé de la distance QT

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.*

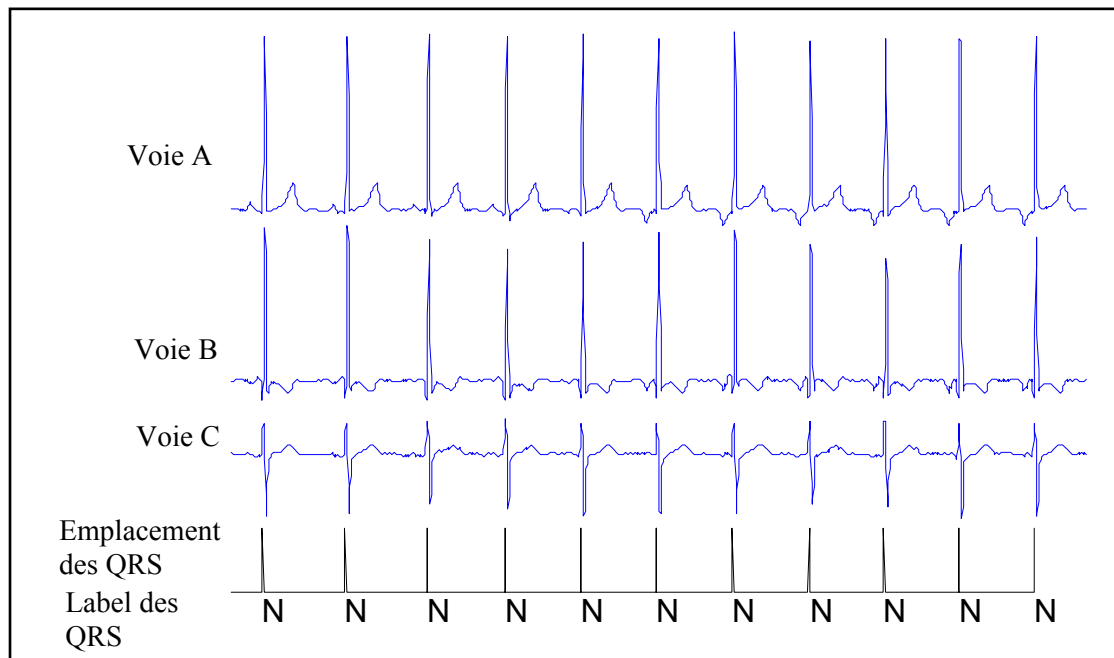




*Figure 11 : L'intervalle QT est corrélé au rythme cardiaque. Une simple interpolation linéaire permet de vérifier des critères de normalités. Ici, le patient présente un certain nombre d'extrasystoles prématurées, ce qui introduit des intervalles RR courts.*

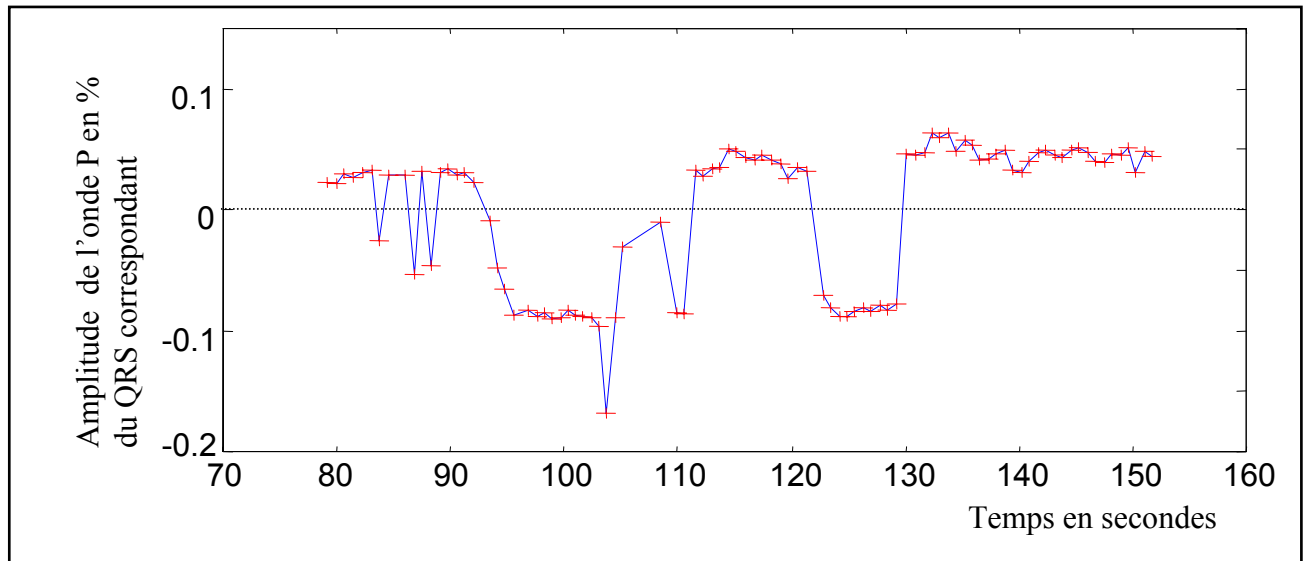
### III.3 Etude d'un foyer ectopique auriculaire

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.

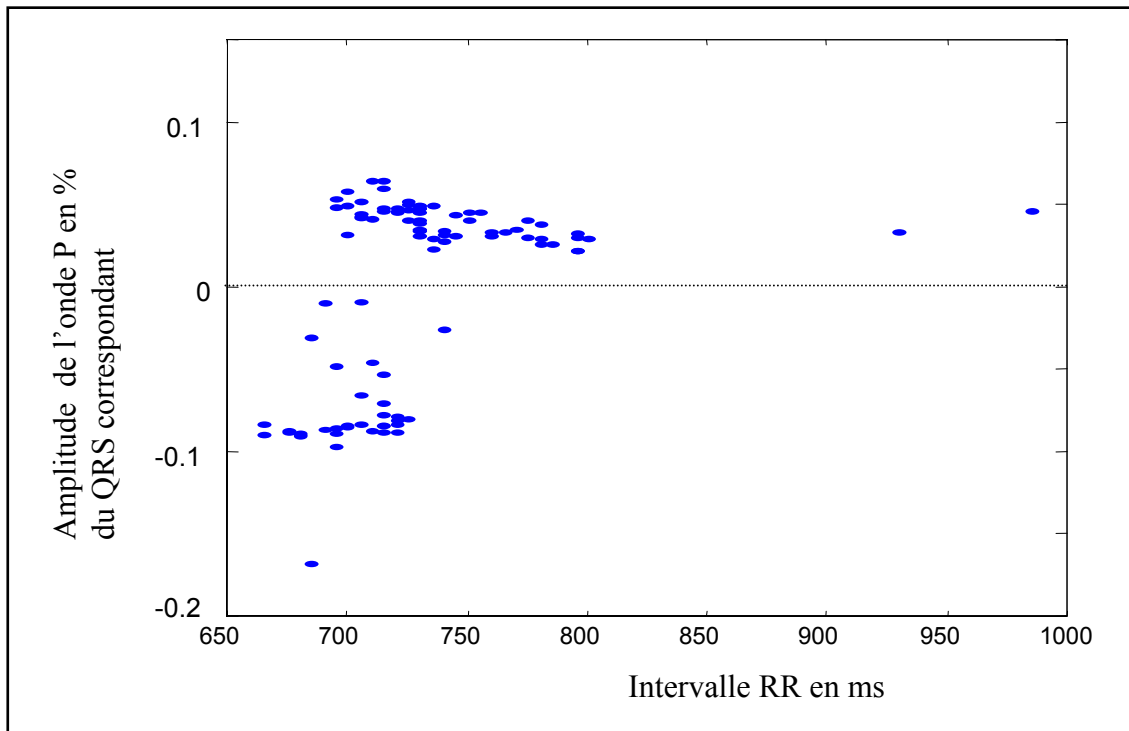


*Figure 12 : Enregistrement présentant une période de rythme imposé par un foyer ectopique auriculaire. L'onde P a une forme clairement différente sur la voie A : elle est inversée.*

Cet épisode est détecté automatiquement par l'analyse de l'amplitude de l'onde P pour chaque battement (Figure 13).

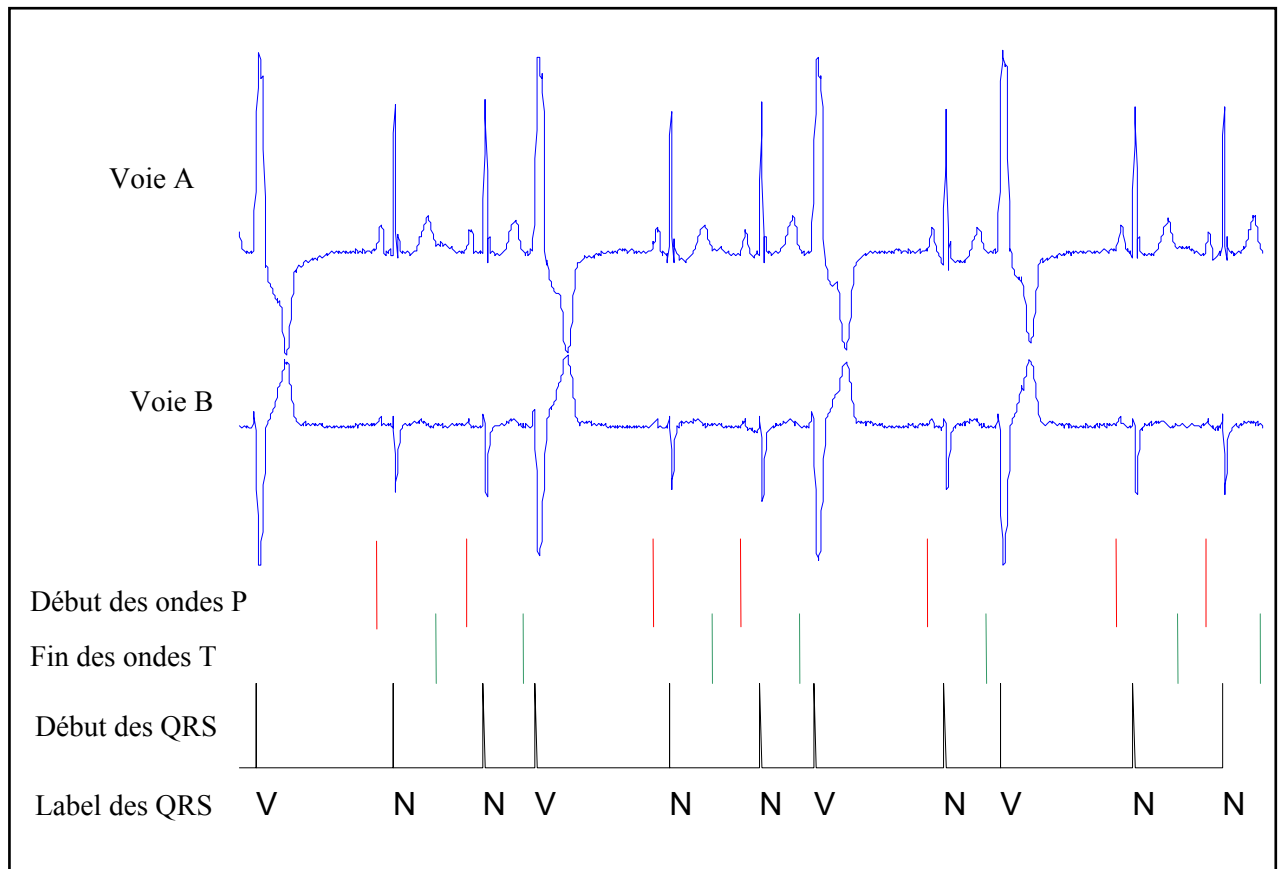


*Figure 13 : amplitude de l'onde P sur la voie A au court du temps sur 100 battements. On détecte le foyer ectopique grâce au changement d'amplitude de l'onde P.*



*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.