

Université de Montréal

Décomposition automatique de signaux EMG intramusculaires

par
Joël Ricardo Florestal

Institut de génie biomédical
Faculté de médecine

Thèse présentée à la Faculté des études supérieures
en vue de l'obtention du grade de Philosophiæ Doctor (Ph.D.)
en génie biomédical

Avril, 2007

© Joël Ricardo Florestal, 2007.



W

4

U58

2007

V.091

AVIS

L'auteur a autorisé l'Université de Montréal à reproduire et diffuser, en totalité ou en partie, par quelque moyen que ce soit et sur quelque support que ce soit, et exclusivement à des fins non lucratives d'enseignement et de recherche, des copies de ce mémoire ou de cette thèse.

L'auteur et les coauteurs le cas échéant conservent la propriété du droit d'auteur et des droits moraux qui protègent ce document. Ni la thèse ou le mémoire, ni des extraits substantiels de ce document, ne doivent être imprimés ou autrement reproduits sans l'autorisation de l'auteur.

Afin de se conformer à la Loi canadienne sur la protection des renseignements personnels, quelques formulaires secondaires, coordonnées ou signatures intégrées au texte ont pu être enlevés de ce document. Bien que cela ait pu affecter la pagination, il n'y a aucun contenu manquant.

NOTICE

The author of this thesis or dissertation has granted a nonexclusive license allowing Université de Montréal to reproduce and publish the document, in part or in whole, and in any format, solely for noncommercial educational and research purposes.

The author and co-authors if applicable retain copyright ownership and moral rights in this document. Neither the whole thesis or dissertation, nor substantial extracts from it, may be printed or otherwise reproduced without the author's permission.

In compliance with the Canadian Privacy Act some supporting forms, contact information or signatures may have been removed from the document. While this may affect the document page count, it does not represent any loss of content from the document.

Université de Montréal
Faculté des études supérieures

Cette thèse intitulée:

Décomposition automatique de signaux EMG intramusculaires

présentée par:

Joël Ricardo Florestal

a été évaluée par un jury composé des personnes suivantes:

A. Robert LeBlanc,	président-rapporteur
Pierre A. Mathieu,	directeur de recherche
A. Bertrand Arsenault,	membre du jury
Éric Granger,	examineur externe
A. Robert LeBlanc,	représentant du doyen de la FES

Thèse acceptée le: 11 mai 2007

RÉSUMÉ

Dans cette thèse, on présente un système innovateur permettant de décomposer des signaux électromyographiques (EMG) intramusculaires en trains de potentiels d'action d'unité motrice (PAUM). L'analyse peut se faire autant sur des enregistrements acquis en configuration simple canal qu'en configuration multi-canaux. Le système, qui ne requiert aucun ajustement de paramètres de la part de l'utilisateur, se divise en deux modules : un module d'*extraction* visant à obtenir les gabarits de PAUM et un module d'*identification* visant à localiser toutes les occurrences de PAUMs dans un signal. Ainsi, lorsque les gabarits de PAUM sont difficiles à obtenir, l'usager peut lui-même en suggérer et passer directement au module d'identification.

Le système comporte plusieurs nouveaux éléments qui le distinguent des autres systèmes que l'on trouve dans la littérature. Premièrement, on utilise une nouvelle mesure de similarité, la pseudo-corrélation (PsC), un croisement entre la corrélation traditionnelle et la norme L1 entre deux vecteurs. La PsC est plus spécifique que la distance Euclidienne en ce qu'elle entraîne moins de faux positifs lors de l'identification de PAUMs. Deuxièmement, l'extraction d'attributs se fait à partir d'arbres squelettiques, une technique ayant fait ses preuves dans la vérification automatique de signatures manuscrites qui permet une catégorisation rapide des PAUMs semblables. Enfin, un algorithme génétique combiné à une descente de gradient permet de résoudre des superpositions complexes dont la composition est inconnue et renfermant jusqu'à 6 PAUMs.

Le système développé est robuste, performant et rapide. Il a été validé en utilisant des signaux synthétiques et des enregistrements réalisés chez des sujets sains. Le taux d'identification de PAUMs est supérieur à 90 % pour la plupart des signaux de densité inférieure ou égale à 120 PAUMs/s et 300 PAUMs/s, en configuration simple canal et multi-canaux, respectivement. En configuration simple canal, la majorité des signaux peuvent être décomposés en un temps inférieur à leur durée, ce qui témoigne du potentiel du système pour des applications en temps réel. Les performances diminuent toutefois en présence de variabilité importante des PAUMs d'une même unité motrice (UM) et/ou de similarité entre PAUMs provenant d'UMs distinctes, les deux principales limites rencontrées. Le système est utilisé avec succès dans d'autres laboratoires et il fait maintenant partie du logiciel EMGlab disponible sur le site de l'Université Stanford (<http://emglab.stanford.edu>).

Mots clés: Algorithme génétique, appariement de gabarits, multi-canaux, optimisation, potentiel d'action d'unité motrice, résolution de superpositions, reconnaissance de formes.

ABSTRACT

This thesis presents an innovative system intended to decompose electromyographic (EMG) signals acquired with indwelling electrodes into their motor unit action potential (MUAP) train constituents. Single- and multi-channel recordings alike are supported. The signals are processed automatically so that the user is not required to adjust any parameters. The system consists of two main modules: an *extraction* module intended to obtain the MUAP templates and an *identification* module intended to locate the MUAP occurrences throughout the signal. For complex signals where MUAPs are difficult to extract, the extraction module can be bypassed by the user who can provide the templates and go directly to the identification module.

The system features many new elements that distinguish it from others mentioned in the literature. First, a new similarity measure, the pseudo-correlation (PsC), which is a mix between cross-correlation and the L1 norm of vectors is introduced. More specific than the more commonly used Euclidean distance, the PsC leads to fewer false positives in the identification module. Secondly, skeletal trees are proposed as a novel feature extraction paradigm in the MUAP extraction module. Borrowed from the application of signature verification, this technique leads to a fast clustering of MUAPs with similar features. Thirdly, a genetic algorithm combined with a gradient descent method is proposed as a robust way to resolve complex superimpositions of up to 6 MUAPs, where the identity of the MUAPs involved is unknown.

All these developments make the system robust, accurate and fast. The system has been validated using both simulated and real signals. Decomposition accuracy is greater than

90 % for most signals with a density of up to 120 MUAPs/s and 300 MUAPs/s in single- and multi-channel settings, respectively. In the single-channel case, most signals are decomposed in less time than the signal's duration, thus showing the systems's potential for on-line applications. Two of the system's main limitations are experienced in the presence of significant MUAP shape variability and/or shape similarity among MUAPs from distinct motor units. The decomposition system has been used successfully in other laboratories and is now part of the EMGLab software package available at no cost on the Stanford University website (<http://emglab.stanford.edu>).

Keywords: Genetic algorithm, motor unit action potential, multi-channel, optimization, pattern recognition, superimposition resolution, template matching.

TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ	iii
ABSTRACT	v
TABLE DES MATIÈRES	vii
LISTE DES TABLEAUX	xi
LISTE DES FIGURES	xii
LISTE DES ABBRÉVIATIONS	xiv
NOTATION	xvi
REMERCIEMENTS	xviii
CHAPITRE 1 : INTRODUCTION	1
1.1 Mise en situation	1
1.2 Problématique	3
1.3 Objectifs	5
1.4 Contenu	8
CHAPITRE 2 : REVUE DE LA LITTÉRATURE	10
2.1 Anatomie et physiologie du muscle	10

2.2	Électromyographie	14
2.3	Décomposition	16
2.3.1	Segmentation	18
2.3.2	Extraction d'attributs	19
2.3.3	Catégorisation	21
2.3.4	Classification	25
2.3.5	Résolution de superpositions	25
CHAPITRE 3 : ARTICLE I – DÉCOMPOSITION AUTOMATISÉE DE SI-		
GNAUX EMG INTRAMUSCULAIRES		28
3.1	Situation de l'article dans la thèse	28
3.2	Abstract	31
3.3	Introduction	32
3.4	Methods	34
3.4.1	MUAP Extraction	34
3.4.2	MUAP Classification	39
3.4.3	Experimental Protocol	42
3.4.4	Simulation Protocol	43
3.5	Results	44
3.5.1	Experimental Data	44
3.5.2	Simulated Data	45
3.6	Discussion	47

3.7	<i>Addendum</i>	51
CHAPITRE 4 : ARTICLE II – RÉOLUTION DE SUPERPOSITIONS À L'AIDE D'UN ALGORITHME GÉNÉTIQUE		54
4.1	Situation de l'article dans la thèse	54
4.2	Abstract	56
4.3	Introduction	57
4.4	Methods	59
4.4.1	Simulation Protocol	59
4.4.2	Nomenclature	62
4.4.3	HGA Description	65
4.5	Results	71
4.5.1	Isolated Superimpositions	71
4.5.2	Extended Signals	73
4.6	Discussion	74
CHAPITRE 5 : ARTICLE III – DÉCOMPOSITION DE SIGNAUX EMG MULTI-CANAUX		79
5.1	Situation de l'article dans la thèse	79
5.2	Abstract	81
5.3	Introduction	82
5.4	Methods	84
5.4.1	MUAP Clustering	84

	x
5.4.2 MUAP Identification	86
5.4.3 Experimental Validation	89
5.5 Results	92
5.6 Discussion	97
CHAPITRE 6 : DISCUSSION	102
6.1 Atteinte des objectifs	102
6.1.1 Robustesse	102
6.1.2 Performance	105
6.1.3 Vitesse	107
6.2 Vérification des hypothèses	109
6.3 Comparaison avec d'autres systèmes	110
6.4 Limites	114
6.5 EMGlab	117
CHAPITRE 7 : CONCLUSION	120
BIBLIOGRAPHIE	124

LISTE DES TABLEAUX

2.I	Caractéristiques anatomiques de certains muscles.	13
3.I	Taux d'identification pour signaux simulés.	47
4.I	Représentation de la population de chromosomes.	66
4.II	Taux d'identification de superpositions isolées.	72
4.III	Taux d'identification de longs signaux.	74
5.I	Résultats de décomposition de signaux réels.	93
6.I	Caractéristiques des signaux réels utilisés.	113
6.II	Comparaison de performances avec ADEMG.	114

LISTE DES FIGURES

1.1	Décomposition d'un EMG.	3
1.2	Schéma bloc d'un système de décomposition typique.	5
1.3	Schéma bloc du système de décomposition de ce projet.	7
2.1	Anatomie du muscle.	11
2.2	Segmentation d'un EMG en zones d'activité.	18
2.3	Extraction de propriétés morphologiques des PAUMs.	20
2.4	Ondelettes mères s'apparentant à des PAUMs.	21
2.5	Catégorisation de PAUMs semblables.	22
2.6	Dendogramme issu d'une méthode de catégorisation hiérarchique.	24
3.1	Segmentation d'un EMG et fenêtrage des PAUMs.	35
3.2	Encodage symbolique des PAUMs et pseudo-corrélation.	37
3.3	Classification de PAUMs.	40
3.4	Résolution de superposition de PAUMs.	42
3.5	Décomposition d'un EMG complexe.	46
3.6	Arbre squelettique correspondant à un segment polyphasique.	53
4.1	Gabarits utilisés en simulation.	59
4.2	Superpositions isolées, signaux simulés et réels.	61
4.3	Procédure d'évaluation d'alignements de PAUMs.	63

4.4	Permutation des allèles d'un chromosome.	70
4.5	Vulnérabilité de la fonction objective à de faibles décalages.	78
5.1	Gabarit de PAUM en configuration multi-canaux.	87
5.2	Décomposition d'un EMG réel comprenant 7 canaux.	94
5.3	Taux d'identification en fonction de l'indice de décomposabilité.	96
5.4	Vacillement (<i>jitter</i>) chez un PAUM polyphasique.	101
6.1	Signal complexe que le système ne pourrait décomposer.	116
6.2	Interface EMGlab.	119

LISTE DES ABBRÉVIATIONS

Abréviations françaises

AG	Algorithme génétique
CMV	Contraction maximale volontaire
EMG	Électromyogramme
FN	Faux négatif
FP	Faux positif
FQRNT	Fonds québécois de la recherche sur la nature et les technologies
ID	Identification
MN	Motoneurone
PA	Potentiel d'action
PAFM	Potentiel d'action de fibre musculaire
PAUM	Potentiel d'action d'unité motrice
PSC	Pseudo-corrélation
RMS	Valeur efficace
UM	Unité motrice

Abréviations anglaises

AP	Action potential
CDI	Composite decomposability index
DI	Decomposability index
EMG	Electromyogram
FA	False assignment
GA	Genetic algorithm
HGA	Hybrid genetic algorithm
ID	Identification
IDI	Inter-discharge interval
MA	Missed assignment
MN	Motoneuron
MU	Motor unit
MUAP	Motor unit action potential
MVC	Maximum voluntary contraction
NED	Normalized Euclidean distance
PRNG	Pseudo-random number generator
PsC	Pseudo-correlation
RMS	Root mean square
SD	Standard deviation
SNR	Signal to noise ratio

NOTATION

\vec{B}	Vecteur de seuils d'amplitude
B_1	Seuil d'amplitude pour le signal original
B_2	Seuil d'amplitude pour le signal résiduel
c	Facteur de suréchantillonnage
D	Ensemble des temps (entiers) d'occurrence des PAUMs
d_i	Temps (entier) d'occurrence d'un PAUM
e	Fonction objective
E	Seuil de similarité
F	Chromosome père
f_1	Premier allèle du chromosome père
G	Chromosome mère
g_1	Premier allèle du chromosome mère
m	Nombre de PAUMs dans une superposition
\vec{m}	Gabarit de PAUM
n	Nombre de gabarits disponibles pour une superposition
N	Nombre d'échantillons dans une superposition
\mathbb{N}	Ensemble des nombres entiers positifs
O_1	Premier chromosome enfant
O_2	Deuxième chromosome enfant
P	Matrice de population des chromosomes
\vec{r}	Forme d'onde résiduelle
\mathbb{R}	Ensemble des nombres réels

\vec{s}	Gabarit de PAUM
S	Ensemble de gabarits de PAUM
t_i	Temps (fractionnaire) d'occurrence d'un PAUM
\vec{v}	Forme d'onde de PAUM
\hat{V}	Ensemble des extrema locaux
V_1^{RMS}	Valeur efficace du signal original
V_2^{RMS}	Valeur efficace du signal résiduel
W	Ensemble de poids
\vec{x}	Superposition originale
\vec{y}	Forme d'onde reconstruite
\mathbb{Z}_2	Ensemble des nombres entiers 0 et 1

REMERCIEMENTS

Tout d'abord, je tiens à remercier mon directeur de recherche, le professeur Pierre A. Mathieu, pour m'avoir fait comprendre les rudiments de la recherche, pour la confiance qu'il m'a témoignée lors des nombreuses facettes entourant mon projet ainsi que pour son soutien financier. Le Dr Mathieu a largement contribué à mon développement à titre de chercheur en m'incitant à assister à plusieurs conférences nationales et internationales de même qu'en me permettant de séjourner dans d'autres laboratoires.

Je remercie le Dr Réjean Plamondon pour son cours ELE6302 dans lequel j'ai pu me familiariser avec les algorithmes génétiques et les arbres squelettiques. Je remercie le Dr Tommaso D'Alessio pour m'avoir accueilli dans son laboratoire. Je remercie également le Dr Kevin C. McGill pour avoir cru en mon système et pour l'avoir intégré à son logiciel EMGlab.

Un gros merci à Roxane Millette pour la révision de mes articles et à Nicolas Robitaille pour son aide dans la mise en page de ce document en \LaTeX .

Enfin, je souligne l'appui financier du CRSNG et du FQRNT dont j'ai bénéficié au cours de mes trois premières années de doctorat.

CHAPITRE 1

INTRODUCTION

1.1 Mise en situation

La réalisation de nos activités quotidiennes, qu'il s'agisse de faire du vélo ou de simplement maintenir une posture droite, implique la contraction simultanée de plusieurs muscles. Ces contractions musculaires, à leur tour, sont le fruit de commandes en provenance du système nerveux central (SNC) et différentes stratégies peuvent être employées par le SNC pour produire un mouvement donné. L'électromyographie (EMG), technique qui consiste à enregistrer les courants électriques émanant des muscles, permet d'étudier en périphérie et de façon relativement peu invasive les mécanismes à la base de ces contractions. L'étude de l'EMG permet également d'identifier la source d'éventuels traumatismes, à savoir si c'est le SNC qui a des difficultés de communication avec la périphérie ou si ce sont les muscles qui ne peuvent donner suite aux commandes du cerveau. Les signaux EMG sont souvent complexes et leur interprétation est alors difficile. C'est pourquoi l'on a de plus en plus recours à des méthodes informatisées afin d'en faciliter l'analyse.

La force exercée par un muscle est régie par deux mécanismes : 1) le recrutement d'unités motrices (UMs), groupes de fibres musculaires innervées par un motoneurone (MN) – plus le nombre d'UMs actives est élevé, plus la force déployée est grande ; 2) la modulation de la fréquence à laquelle ces UMs peuvent être activées – la force déployée augmente avec la fréquence [57, 58, 89]. Pour étudier les mécanismes donnant lieu à une

contraction musculaire, l'approche classique est celle d'enregistrer le signal EMG avec des électrodes de surface ou des électrodes intramusculaires implantées dans le muscle. Comme les électrodes de surface ont quelques millimètres de diamètre et qu'elles sont placées à une certaine distance des muscles actifs, elles sont très peu sélectives et l'activité d'un grand nombre d'UMs peut ainsi être captée en même temps. De plus, dû aux effets de filtrage passe-bas de la peau, le signal subit d'importantes distorsions. Pour ces raisons, l'EMG de surface est difficile à analyser [21]. Dans cette thèse, il ne sera question que de signaux acquis à l'aide d'électrodes intramusculaires.

Chaque décharge d'une UM donne lieu à un potentiel d'action d'unité motrice (PAUM) et si l'activité se situe dans la zone de captation de l'électrode implantée, un signal sera enregistré. D'une décharge à l'autre, la forme d'un PAUM est relativement constante lorsque les relations spatiales entre l'électrode d'enregistrement et l'UM demeurent fixes. Par contre, les PAUMs associés à des UMs distinctes ont habituellement des formes distinctes, ce qui facilite leur identification [76]. On désigne par train de PAUMs la séquence temporelle de PAUMs correspondant à une même UM.

Les signaux EMG recèlent deux informations d'intérêt pour les cliniciens : 1) la forme des PAUMs correspondant aux UMs actives [7] et 2) le patron de décharge de ces UMs [111]. À partir de ces informations, les cliniciens peuvent poser un diagnostic sur le fonctionnement neuromusculaire de leurs patients [11, 43, 44]. Le diagnostic est d'autant plus probant que le groupe d'UMs captées par les électrodes est un échantillon représentatif de la population d'UMs actives lors d'une contraction. Ces informations peuvent être obtenues par le biais d'une analyse désignée *décomposition*, où il s'agit de décomposer l'EMG en la somme des trains de PAUMs qui le composent (Fig. 1.1).

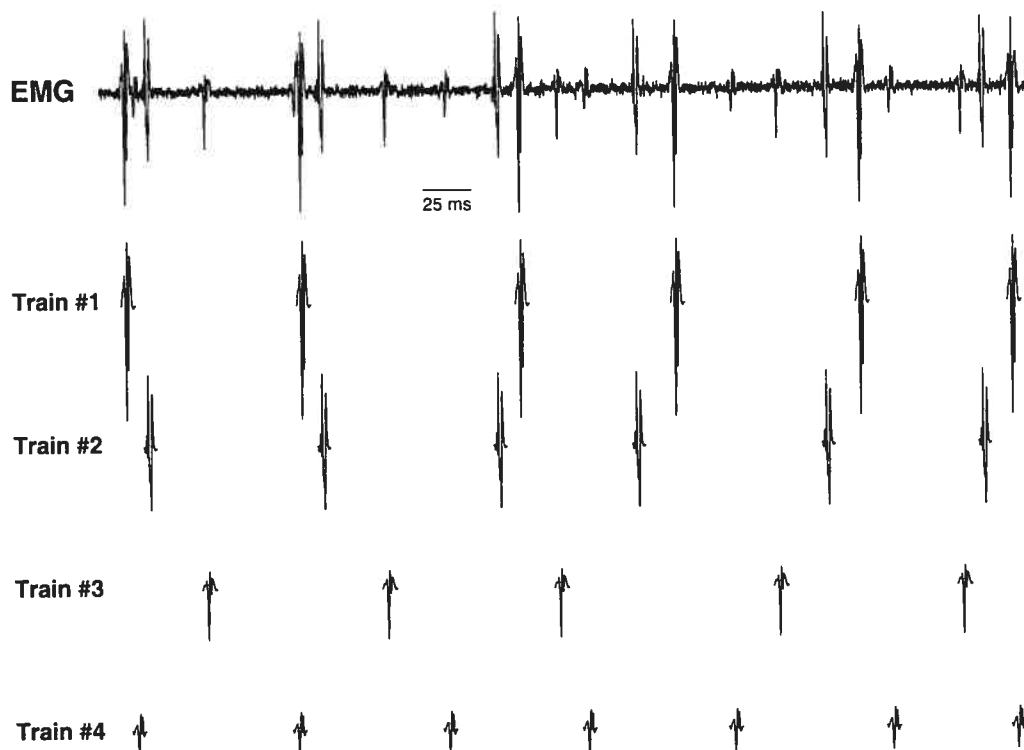


Figure 1.1 – Décomposition d'un EMG (en haut) où 4 UMs sont actives.

1.2 Problématique

La décomposition automatique de l'EMG s'inscrit dans un contexte de reconnaissance de formes. Cette même problématique a été abordée à l'aide de l'ordinateur depuis des décennies pour plusieurs autres types d'enregistrements extracellulaires [1, 25, 27, 29, 47, 88, 92, 105, 109]. Lorsque seulement quelques UMs sont actives, la décomposition est relativement simple, mais à mesure que le nombre d'UMs augmente, cette tâche devient rapidement complexe en raison du nombre accru de PAUMs issus d'UMs distinctes qui interfèrent les uns avec les autres. Ces interférences sont désignées superpositions et donnent lieu à des formes d'onde inhabituelles qui représentent la somme algébrique de tous les PAUMs impliqués [117]. La résolution de ces superpositions relève d'un problème d'optimisation où il s'agit de déterminer l'identité des PAUMs impliqués ainsi

que leur décalage relatif qui donnera un signal minimisant les différences avec l'onde superposée [83].

La décomposition comporte plusieurs étapes, illustrées au schéma bloc de la Fig. 1.2 et décrites plus en détail au chapitre 2. Tout d'abord, l'EMG est filtré à l'aide d'un filtre passe-haut afin de faire ressortir les PAUMs correspondant aux UMs à proximité des sites d'enregistrement, et ce au détriment des PAUMs des UMs éloignées et qui constituent le bruit de fond. La décomposition comme telle s'amorce à l'étape de segmentation où il s'agit de délimiter dans le signal les zones renfermant une activité électrique appréciable. Ensuite, à l'étape d'extraction d'attributs, les segments actifs sont transformés en vecteurs d'attributs qui seront regroupés en catégories de PAUMs semblables. L'objectif de l'étape de catégorisation est de déterminer le nombre d'UMs actives et de faire l'assignation de chaque PAUM à sa catégorie respective. Seuls les PAUMs qui ne se chevauchent pas peuvent être catégorisés, donnant ainsi un patron de décharge qui n'est que partiel. Ce n'est qu'après l'étape de résolution de superpositions que l'on obtient un patron de décharge plus ou moins complet pour chaque UM.

À ce jour, plusieurs systèmes de décomposition existent, mais aucun d'entre eux ne fait l'unanimité auprès de la communauté scientifique, de sorte que leur utilisation demeure souvent confinée aux laboratoires qui les développent [10]. Parmi les obstacles rencontrés, il y a le fait que certains systèmes exigent un appareillage spécifique et/ou des paramètres d'acquisition fixes. D'autres requièrent que l'utilisateur modifie des paramètres. La majorité est incapable de traiter plusieurs signaux simultanément et est donc limitée à une configuration simple canal. Ensuite, certains systèmes sont peu performants, c'est-à-dire que leur taux d'identification de PAUMs est faible, car ils ne peuvent résoudre

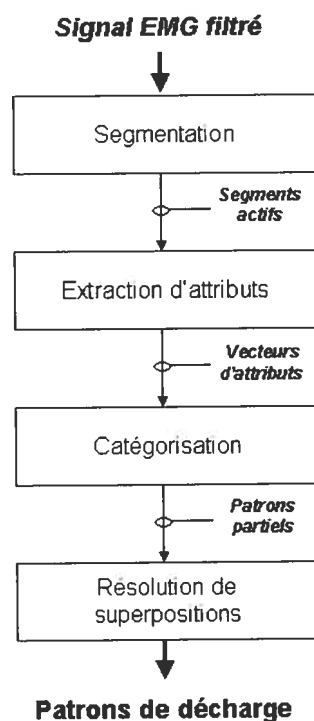


Figure 1.2 – Schéma bloc d'un système de décomposition typique.

des superpositions composées de plus de 3 PAUMs. Enfin, les importants temps de calcul, qui pour plusieurs systèmes peuvent aller jusqu'à quelques minutes par seconde de signal, exigent une analyse en temps différé.

1.3 Objectifs

À la lumière de ce bilan, notre objectif était de développer notre propre système de décomposition de signaux EMG intramusculaires. Le système se devait d'être robuste, performant et rapide afin d'augmenter ses chances d'être adopté par d'autres laboratoires. Plus spécifiquement, notre système devait être en mesure de :

1. traiter les signaux sans que l'utilisateur n'ait à ajuster de paramètres ;

2. maintenir un taux d'identification élevé pour les signaux d'une densité moyenne ;
3. décomposer les signaux en un temps inférieur à leur durée.

Précisions toutefois qu'aucun de ces objectifs n'est vraiment critique pour le fonctionnement d'un système de décomposition. Cependant, nous rejoignons Stashuk [117] qui dresse une liste des caractéristiques souhaitables pour tout bon système de décomposition, parmi lesquelles on retrouve :

1. maintenir une bonne performance en un temps minimal sur un grand éventail de signaux EMG ;
2. utiliser un minimum de seuils arbitraires et avoir une faible sensibilité par rapport aux seuils requis ;
3. obtenir des patrons de décharge précis et complets.

Une exigence additionnelle propre à ce projet était d'offrir à l'utilisateur la possibilité de retracer des PAUMs détectés préalablement dans d'autres signaux dans le but d'étudier de plus près le comportement de certaines UMs ciblées à différents niveaux de contraction. Pour ce faire, il fallait que le système puisse accepter comme input non seulement le signal mais aussi un ensemble de PAUMs. Par conséquent, l'analyse a été séparée en deux modules indépendants : un module d'*extraction* de la forme des PAUMs et un module d'*identification* de toutes leurs occurrences dans le signal. Le schéma bloc de la Fig. 1.3 illustre cette approche modulaire. Ainsi, le système combine apprentissage non-supervisé et classification supervisée. Lorsque les PAUMs sont déjà disponibles, qu'ils aient été obtenus manuellement ou à partir d'un autre signal, on passe directement au module d'identification (supervisé) sans passer par le module

d'extraction (non-supervisé). Cette approche en deux temps offre l'avantage de pouvoir se pencher séparément sur l'étude de la morphologie des PAUMs et sur le patron de décharge des UMs sous-jacentes, les deux types informations généralement d'intérêt pour les cliniciens. Un approche semblable est d'ailleurs préconisée par d'autres chercheurs [19, 46, 51, 54, 116].

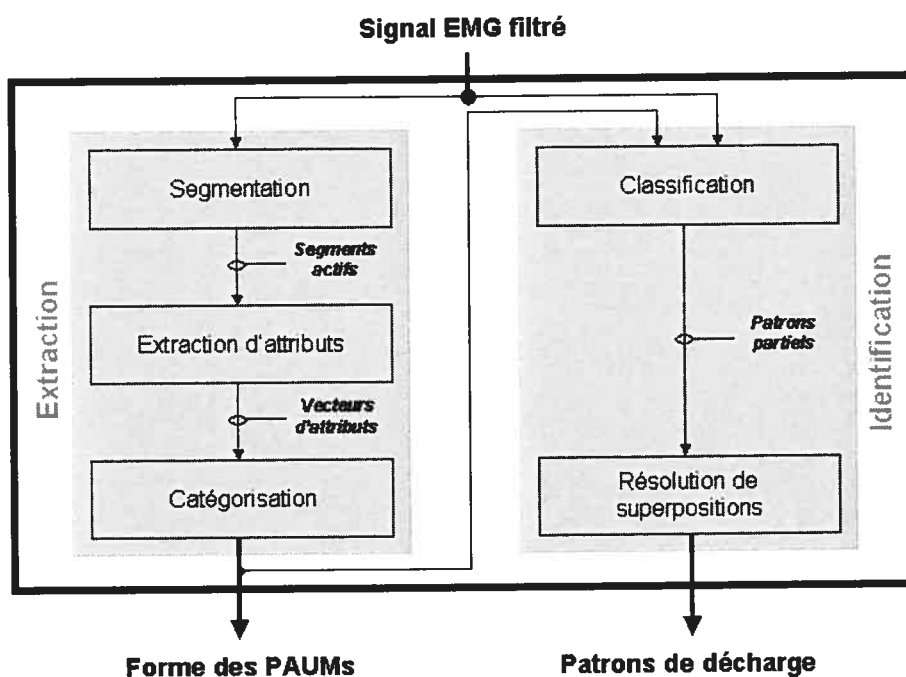


Figure 1.3 – Schéma bloc du système de décomposition présenté de ce projet.

L'atteinte des objectifs de ce projet reposait sur la vérification des hypothèses suivantes :

1. l'utilisation d'*arbres squelettiques* permet de catégoriser les PAUMs de façon fiable à partir de seulement trois attributs ;
2. la *pseudo-corrélation* mène à un taux d'identification de PAUMs supérieur au taux qu'on obtient à partir de la distance Euclidienne.

Les arbres squelettiques [28, 59] sont générés à partir d'une forme d'encodage symbolique compacte qui a fait ses preuves dans plusieurs applications dont le domaine de vérification de signatures manuscrites [101], tandis que la pseudo-corrélation est une nouvelle mesure de similarité mise au point dans ce projet qui se veut un croisement entre la corrélation traditionnelle et la norme L1 entre deux vecteurs. Ces deux techniques seront décrites plus en détail à partir du chapitre 3. La vérification des hypothèses s'est faite à partir de résultats de décomposition de plusieurs centaines de signaux EMG réels acquis dans différents laboratoires ainsi qu'à partir de signaux synthétiques. En effet, bien que notre système ait été développé pour traiter les signaux réels, seules des simulations à l'aide de signaux synthétiques permettent d'en juger les performances de façon absolue [55, 77]. Ainsi, il était possible de d'évaluer objectivement la validité des catégories de PAUMs extraites à l'aide d'arbres squelettiques de même que de la validité des identifications de PAUMs à l'aide de la pseudo-corrélation comme mesure de similarité.

1.4 Contenu

Cette thèse comporte 7 chapitres. Le chapitre suivant est consacré à la revue de la littérature. On y présente des concepts de base en physiologie neuromusculaire, en électromyographie de même que les principales étapes de décomposition. Suivent trois chapitres qui représentent chacun un article et qui constituent le corps de notre recherche. Le premier article (chapitre 3) décrit le système de décomposition alors qu'il était à un stade intermédiaire de développement. Il est question, entre autres, des arbres squelettiques et de la pseudo-corrélation comme mesure de similarité entre formes d'onde. Le deuxième article (chapitre 4) traite de la résolution de superpositions de PAUMs, notamment les cas

difficiles ayant trait aux interférences destructives et constructives. Nous y présentons un algorithme génétique combiné à une descente de gradient. Le troisième article (chapitre 5) est dédié à la décomposition de signaux EMG acquis en configuration multi-canaux. Puisqu'il s'agit d'une extension du système existant, l'accent est plutôt mis sur les stratégies à adopter afin de tirer profit des perspectives additionnelles pour parvenir à une décomposition plus robuste et plus performante. Ces articles sont suivis d'une Discussion et d'une Conclusion où nous interprétons les résultats obtenus, faisons le point sur l'atteinte de nos objectifs et énumérons des aspects qui restent à être améliorés.

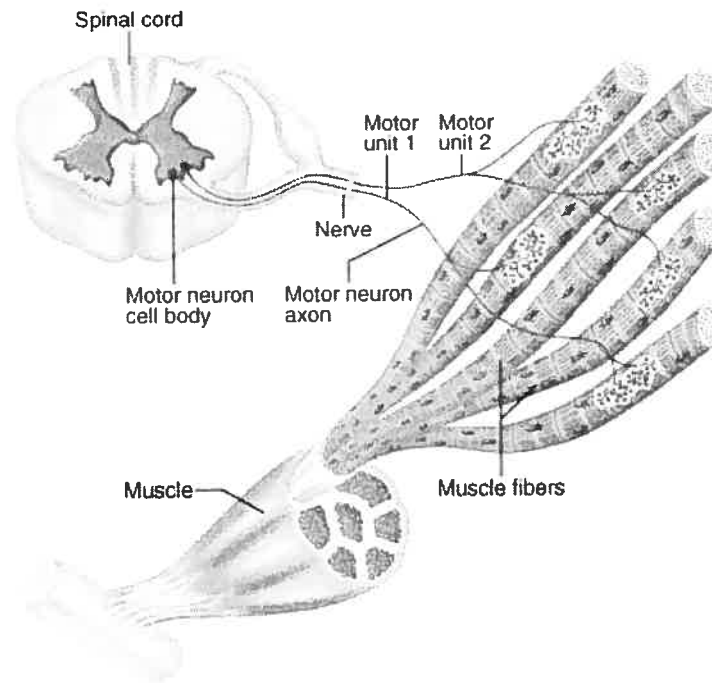
CHAPITRE 2

REVUE DE LA LITTÉRATURE

2.1 Anatomie et physiologie du muscle

Les muscles squelettiques sont composés d'un grand nombre de fibres musculaires (FM) de forme cylindrique et dont le diamètre est de l'ordre du micron. Une FM ne se contracte jamais seule, mais plutôt de façon solidaire au sein d'un ensemble fonctionnel désigné unité motrice (UM), un concept introduit par Liddell et Sherrington [78]. Une UM est constituée de plusieurs FMs innervées par un même motoneurone (MN) (voir Fig. 2.1). Un MN est une cellule de la corne intérieure de la moelle (*ventral horn cell*) et dont les axones sont connectés aux FMs à une terminaison spécifique désignée jonction neuromusculaire ou plaque motrice. Les inputs provenant du système nerveux central (SNC) sont transmis au MN sous forme de trains de potentiels d'action (PA) et le MN les transmet à son tour à chacune des FMs auxquelles il est connecté au niveau de la jonction neuromusculaire. Lorsqu'un PA atteint cette jonction, la FM dont le potentiel est au repos se dépolarise et un signal se propage de part et d'autre vers ses extrémités. Ce signal, désigné potentiel d'action de fibre musculaire (PAFM) s'accompagne d'une contraction mécanique de la fibre. Les PAFMs se propagent à une vitesse variant de 3 à 5 m/s selon le diamètre de la FM : plus le diamètre est grand, plus la vitesse est élevée. Suite à sa dépolarisation, une FM retourne progressivement à son potentiel de repos et en deçà d'un certain temps suivant la dépolarisation, désigné période réfractaire, la FM ne pourra

se contracter à nouveau. Ce n'est qu'après avoir retrouvé son potentiel de repos qu'elle pourra à nouveau être dépolarisée.



Copyright © 2001 Benjamin Cummings, an imprint of Addison Wesley Longman, Inc.

Figure 2.1 – Anatomie du muscle au niveau macroscopique et microscopique. Tiré du site <http://www.etsu.edu/cpah/hsci/forsman/Histologyofmuscleforweb.htm> (30 mars 2007).

Lorsqu'une FM est stimulée électriquement, une contraction appelée secousse (*twitch*) en résulte. Les FM se subdivisent en trois types selon leur résistance à la fatigue et les caractéristiques de la secousse [104]. On retrouve les FM de type S à secousse lente et résistantes à la fatigue, les FM de type FF à secousse rapide mais rapidement fatigables et les FM de type FR à secousse rapide et résistantes à la fatigue. Selon la nomenclature utilisée, les FM de type S peuvent également être désignées comme étant de type I ou B, celles de type FF comme étant de type IIa ou C et celles de type FR comme étant de type IIb ou A. Les FM de type S sont importantes en activité aérobie où un effort

soutenu est demandé comme par exemple dans le maintien de la posture. À l'opposé, les FMs de type FF sont utilisées en activité anaérobie où l'on vise un effort important mais de courte durée comme par exemple à l'arrachée en haltérophilie. Enfin, les FMs de type FR ont des propriétés qui se situent entre celles de type S et de type FF. La plupart des muscles refferment les trois types de FMs.

Une fibre donnée ne peut être innervée par plus d'un MN. Ainsi, toutes les FMs d'une même UM sont simultanément actives ou au repos. Dans un muscle, les FMs d'une UM donnée sont dispersées et peuvent être relativement éloignées tandis que les FMs d'UMs distinctes peuvent être voisines [9, 32].

La force générée par une UM est directement liée au nombre de FMs qu'elle innerve. Certaines UMs peuvent compter peu de FMs (< 10), notamment dans les petits muscles comme ceux de l'oeil où la masse déplacée est petite mais où la précision du positionnement est importante [123], tandis que d'autres peuvent en compter jusqu'à plusieurs centaines, notamment dans les gros muscles où de fortes contractions sont requises [38]. Le niveau de contraction d'un muscle entier est contrôlé par le SNC de deux façons. La première consiste à recruter ou dérecruter des UMs, ce qui contribue à augmenter ou diminuer la force produite. La deuxième façon consiste à moduler la fréquence de décharge des PAs associés aux MNs en activité. Lorsqu'une UM donnée est recrutée, sa décharge est plutôt irrégulière et de faible fréquence. Au fur et à mesure que la force augmente, la fréquence augmente également en plus de se stabiliser. Au début d'une contraction, le recrutement d'UMs a généralement préséance sur la modulation de fréquence. Les UMs sont recrutées en fonction de la taille de leur motoneurone : les UMs ayant un petit motoneurone au début et les UMs ayant un gros motoneurone ensuite. D'ordinaire, les

dernières UMs recrutées sont les premières à être dérecrutées dès le relâchement de la contraction. Ce mécanisme est désigné principe de grosseur (*size principle*) [57, 58, 89].

Le nombre d'UMs actives dans un muscle est variable au même titre que le nombre de FMs par UM. Le tableau 2.I, tiré des travaux de Buchtal et Schmalbruch [12], montre pour certains muscles chez humain, le nombre d'UMs, le nombre total de FMs et le nombre moyen de FMs par UM. À type de FM équivalent, les muscles composés d'un plus grand nombre d'UMs sont ceux capables de déployer la plus grande force.

Muscle	# UMs	# FMs	#UMs / FM
Biceps brachii	774	580000	750
Brachioradialis	330	130000	390
Interosseus dorsalis 1	119	41000	340
Lumbricalis 1	98	10000	110
Opponens pollicis	133	79000	595
Masseter	1020	1000000	980
Temporalis	1150	1500000	1300
Gastrocnemius medius	580	1000000	1720
Tibialis anterior	445	270000	610

Tableau 2.I – Caractéristiques anatomiques de certains muscles chez l'humain. Nombre d'unités motrices (UMs) et nombre moyen de fibres musculaires (FMs) par UM. Tiré de Buchtal et Schmalbruch ([12]).

Le PA émanant d'un MN atteint toutes les FMs de l'UM mais pas nécessairement en même temps puisque les axones du MN ne sont pas toutes de même longueur et les jonctions neuromusculaires ne sont pas toutes situées au même endroit. Ainsi, les PAFMs d'une UM donnée ne sont pas parfaitement en phase. Ces derniers se superposent pour donner une forme d'onde caractéristique désignée potentiel d'action d'unité motrice (PAUM) qui reflète la sommation dans le temps et dans l'espace des PAFMs de l'UM. La durée d'un PAUM est donc supérieure à celle d'un PAFM et sa forme est aussi plus complexe. La majorité des PAUMs sont bi- ou triphasiques mais on en trouve ayant plus

de trois phases qui sont alors désignés comme étant polyphasiques. Les PAUMs sont parfois composés de deux formes d'onde distinctes séparées par une durée fixe et on parle alors de potentiel satellite [72]. Par rapport au positionnement d'une électrode intramusculaire, la contribution relative des FMs éloignées sera beaucoup moindre sur la forme du PAUM que celle des FMs qui sont proches. De plus, comme les tissus environnant les UMs constituent un volume conducteur qui agit comme un filtre passe-bas, le contenu des PAFMs sera d'autant plus de basse fréquence que les fibres sont éloignées du point d'enregistrement. Ainsi, la forme et l'amplitude d'un PAUM dépendent de la répartition des FMs par rapport au point d'observation et ne peuvent être déterminées *a priori*.

À chacune des décharges d'une UM correspond un PAUM et dans le temps on obtient un train de PAUMs. Lorsque la position du point d'observation par rapport à celle de l'UM demeure inchangée, les PAUMs d'un train donné ont une forme similaire. Toutefois, on retrouve de légères différences en raison du vacillement (*jitter*), c'est-à-dire que d'une stimulation à une autre, le déclenchement des PAs d'une UM n'est pas toujours exactement le même [115]. Plus le vacillement est important, plus la variabilité de forme d'un PAUM est grande.

2.2 Électromyographie

Le but premier de l'électromyographie est d'évaluer la fonction neuromusculaire d'un patient et de diagnostiquer d'éventuelles pathologies. Parmi ces dernières, les plus fréquentes sont les neuropathies qui surviennent lorsque le muscle ne répond plus aux commandes volontaires du cerveau à cause de problèmes de transmission au niveau des MNs, ou les myopathies où le problème se situe au niveau des FMs qui ne sont plus en mesure

de se contracter en dépit d'une commande nerveuse normale. Pour poser un diagnostic, on procède à l'analyse de la forme des PAUMs et du patron de décharge des UM, car la forme d'un PAUM reflète indirectement l'architecture de son UM tandis que le patron de décharge témoigne des stratégies de recrutement/dérecrutement ainsi que de modulation de fréquence adoptées par le SNC. Pour obtenir le signal requis, on peut utiliser des électrodes implantées dans le muscle sous étude. Il s'agit d'une procédure invasive mais relativement peu compliquée pour obtenir de l'information sur le SNC puisque seuls des muscles périphériques sont impliqués.

En réadaptation, l'EMG est souvent acquis pour évaluer l'implication musculaire lors de contractions qui sont habituellement de nature isométrique ou isotonique. Une contraction est dite isométrique lorsque la longueur du muscle reste inchangée et isotonique lorsque le tonus musculaire demeure au même niveau. Il est à noter que pour une contraction isotonique, la force peut changer selon l'angle parcouru et que la vitesse n'est pas nécessairement contrôlée. Parfois, pour une longueur de muscle donnée, on augmente ou diminue progressivement le niveau de la contraction pour obtenir une contraction en rampe. Enfin, on retrouve également dans la littérature des contractions où le niveau croît durant un certain temps, se stabilise à un niveau donné et décroît progressivement vers un état de repos [94]. Ces dernières sont des contractions trapézoïdales. Le niveau de contraction est souvent quantifié par rapport à la contraction maximale volontaire (CMV) qui représente 100 %. On dira par exemple que le niveau d'une contraction isotonique est de 30 % CMV. Pour un niveau de contraction soutenu, les UM déchargent à un rythme assez régulier qui peut varier entre 5 et 40 Hz [12, 42, 89, 103].

L'EMG est la somme des trains de PAUMs de toutes les UMs situées dans le champ de captation de l'électrode. Parmi les UMs actives, celles qui sont près de l'électrode auront une influence plus marquée sur le signal enregistré que celles qui en sont éloignées et dont l'activité constituera le bruit de fond dans l'EMG. On parle alors de sélectivité de l'électrode. Plus une électrode est sélective, plus son champ de captation est petit et, par conséquent, moins d'UMs seront visibles dans le signal. Parmi les électrodes intramusculaires, le niveau de sélectivité varie grandement. L'électrode aiguille de fibre unique (*single fiber needle electrode*) est la plus sélective. Comme son nom laisse sous-entendre, on peut mesurer les PAFMs individuels, sans voir l'effet de FMs avoisinantes. Les électrodes à aiguille concentrique ou les fils conducteurs laissés dans un muscle après leur introduction avec une aiguille hypodermique (*fine-wire*) ont une sélectivité moyenne et peuvent capter l'activité de plusieurs UMs.

Lorsque peu d'UMs sont actives à proximité d'une électrode, la forme de leurs PAUMs peut être facilement distinguée mais il arrive régulièrement que les PAUMs associés à deux ou plusieurs UMs distinctes se chevauchent. L'onde résultante est alors la superposition de tous les PAUMs présents à un instant donné. Le taux avec lequel se produisent les superpositions dépend du nombre d'UMs ainsi que de leur fréquence moyenne de décharge. En présence de plusieurs UMs ou de fréquences élevées de décharge, l'EMG est dense et les PAUMs individuels sont difficilement identifiables.

2.3 Décomposition

À partir d'enregistrements intramusculaires, l'analyse de l'EMG consiste à déterminer la forme des PAUMs associés aux UMs actives et de localiser toutes leurs occurrences

dans le signal. Ce processus est désigné décomposition, puisqu'il s'agit de décomposer l'EMG en la somme des trains de PAUMs qui le constituent. L'EMG peut être modélisé selon l'expression mathématique suivante [116] :

$$EMG(t) = \sum_{k=1}^N TPAUM_k \quad (2.1)$$

où chaque train de PAUMs ($TPAUM_k$) est modélisé à son tour comme suit :

$$TPAUM_k(t) = \sum_{i=1}^{m_k} PAUM_{ki}(t - t_{ki}) \quad (2.2)$$

et où t_{ki} est l'instant où la k^e UM décharge, m_k est le nombre de PAUMs au sein du k^e train et N est nombre total de trains. En clair, l'objectif de la décomposition est d'estimer correctement la forme des N $PAUM_{ki}$ et de repérer les t_{ki} . La décomposition n'est possible que si l'on peut reconnaître les PAUMs individuels dans le signal. Les signaux trop denses ne peuvent être décomposés.

La décomposition comporte plusieurs étapes dont les 5 plus importantes sont : 1) la segmentation du signal EMG en zones d'activité, 2) l'extraction d'attributs des zones d'activité segmentées, 3) la catégorisation (*clustering*), 4) la classification des PAUMs (pour les systèmes comme le nôtre où l'on préconise une approche en deux temps) et 5) la résolution de superpositions de PAUMs. Dans les sections suivantes, nous décrivons en quoi consiste chacune de ces étapes et présentons les principales approches qui ont été proposées dans la littérature pour arriver au but recherché.

2.3.1 Segmentation

À cette étape, on cherche à morceler l'EMG afin d'en isoler les portions montrant l'activité électrique significative des UMs situées à proximité des électrodes. On néglige ainsi le bruit ambiant provenant de l'activité d'UMs éloignées, dont les PAUMs de basse amplitude et au faible contenu fréquentiel sont difficilement repérables. Chaque zone d'activité peut renfermer soit la totalité d'un PAUM, une portion de PAUM (par exemple, dans le cas de potentiels satellites) ou une superposition de plusieurs PAUMs. Afin de faciliter la segmentation, il est d'usage de filtrer les signaux à l'aide de filtres passe-bande ou passe-haut qui atténuent les PAUMs à peine distinguables qui constituent le bruit de fond. Le filtrage peut aussi se faire à l'aide d'ondelettes [108]. En plus de rehausser le rapport signal sur bruit, ce filtrage a pour effet de diminuer la durée des PAUMs, ce qui réduit le chevauchement entre PAUMs voisins. Plus de zones d'activité seront alors constituées de PAUMs authentiques. Un exemple de segmentation est illustré à la Fig. 2.2.



Figure 2.2 – Segmentation d'un signal EMG (haut) en zones d'activité (bas).

Pour tous les algorithmes de segmentation, une zone d'activité est considérée lorsqu'un ou plusieurs échantillons dépassent un seuil d'amplitude et/ou de pente. Les algorithmes diffèrent toutefois entre eux au niveau de la longueur des zones et de la façon dont

les seuils sont déterminés. On préconise souvent des zones d'activité de longueur fixe [13, 90], mais la longueur choisie n'est jamais optimale, puisque les PAUMs ont durée très variable ; ainsi, elle peut varier de 5 à 15 ms seulement au niveau du biceps brachial [97]. C'est pourquoi dans certains algorithmes on utilise des zones d'activité de longueur variable. L'approche est plus complexe à gérer mais elle est mieux adaptée à la réalité.

Quant aux seuils de détection, on utilise dans certains algorithmes des valeurs prédéterminées [114] mais l'approche n'est pas robuste étant donnée la grande plage d'amplitudes admissibles et de niveaux de bruit. Dans la plupart des algorithmes, on détermine le(s) seuil(s) automatiquement à partir de la moyenne ou la variance du signal global. Pour un signal donné, les méthodes à seuil unique sont d'ordinaire biaisées envers les PAUMs de grande amplitude de sorte que plusieurs UMs peuvent ne pas être détectées lorsqu'il y a une disparité importante au niveau de l'amplitude des PAUMs. Pour remédier à ce problème, on peut employer plusieurs seuils [132].

2.3.2 Extraction d'attributs

À partir des zones d'activité segmentées, qui seront simplement désignées segments dans ce qui suit, on extrait un vecteur d'attributs (*feature vector*) avant d'entamer l'étape de catégorisation. Chaque vecteur d'attributs deviendra un point dans un espace multidimensionnel. Idéalement, les vecteurs d'attributs associés aux PAUMs issus d'une même UM devraient être regroupés dans l'espace de façon à être facilement distinguables de ceux correspondant aux PAUMs issus d'UMs différentes et qui devraient se situer ailleurs dans l'espace.

Plusieurs chercheurs préfèrent avoir des vecteurs d'attributs qui correspondent directement aux échantillons temporels des segments [15, 46, 76, 116]. Or, l'information contenue dans ces vecteurs d'attributs est souvent redondante et leur grande taille peut constituer un obstacle à l'efficacité de la catégorisation (section 2.3.3). En effet, plusieurs méthodes de catégorisation impliquent de longs calculs qui accroissent exponentiellement avec la longueur des vecteurs d'attributs. C'est pourquoi certains chercheurs préfèrent extraire un petit nombre d'attributs basés sur des propriétés morphologiques [45, 79, 114, 125]. Il faut toutefois s'assurer que ces attributs décrivent de façon exhaustive et non-équivoque chaque segment, sans quoi leur catégorisation donnera lieu à des erreurs. À la Fig. 2.3, on illustre la vulnérabilité de l'approche avec deux segments différents (l'un étant l'opposé de l'autre) s'apparentant à des PAUMs biphasiques, mais qui seraient mis dans la même catégorie si l'on utilisait les propriétés morphologiques usuelles que sont l'amplitude crête à crête, la durée, l'aire sous la courbe, le périmètre et le nombre de phases.



Figure 2.3 – Deux segments différents qui seraient regroupés dans la même catégorie suite à l'extraction d'attributs provenant de propriétés morphologiques.

Bien que l'extraction d'attributs s'effectue le plus souvent dans le domaine temporel, certains chercheurs préfèrent extraire des attributs du domaine fréquentiel. Pour chaque fréquence spatiale, un segment peut alors être décrit par des coefficients de Fourier [49, 84] ou de puissance spectrale [118]. En raison du théorème d'échantillonnage de Nyquist-Shannon, les principaux coefficients sont limités à une bande restreinte et les autres

peuvent être laissés de côté, sans grande perte d'information. Ainsi, les vecteurs d'attributs peuvent avoir une petite taille. D'autres chercheurs extraient les attributs à l'aide d'ondelettes [26, 34, 130]. Vu la ressemblance entre les PAUMs et certaines ondelettes mères, il est possible de décrire fidèlement les segments à partir de peu d'attributs. La Fig. 2.4 montre quelques ondelettes mères qui s'apparentent à des PAUMs.

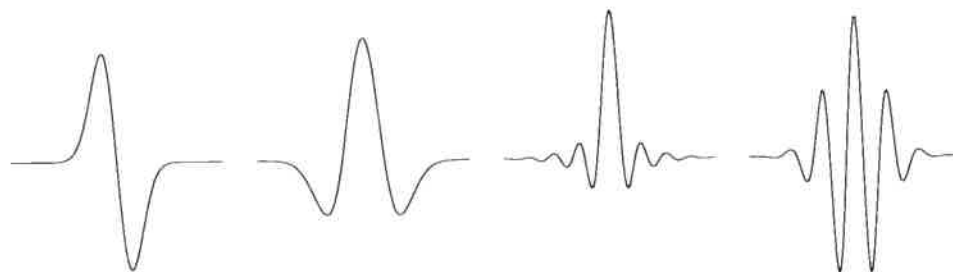


Figure 2.4 – Ondelettes mères dont l'allure s'apparente à de PAUMs. De gauche à droite : *Gaussian, Mexican hat, Meyer, Morlet*.

2.3.3 Catégorisation (tiré de [30, 117])

Les vecteurs d'attributs obtenus à la section 2.3.2 sont les objets qu'il faut regrouper en catégories. Le but de la catégorisation est de partitionner l'ensemble de tous les objets de façon à ce qu'un objet d'une catégorie donnée soit plus similaire aux autres objets de sa catégorie qu'à ceux de n'importe quelle autre catégorie. Or, le nombre de catégories n'est pas connu et aucun des objets disponibles ne décrit parfaitement la catégorie à laquelle il appartient, puisque chaque PAUM, même lorsque considéré comme authentique, est entaché de bruit et affiche un certain vacillement. Il s'agit donc d'un problème d'apprentissage non supervisé où aucun prototype étiqueté n'est disponible *a priori*. Une difficulté additionnelle vient de la nécessité de devoir identifier les objets valides parmi le grand nombre d'objets atypiques qui constituent les anomalies (*outliers*) du problème. Ces anomalies sont issues de segments constitués de bruit, de portion de PAUM ou de

superposition de PAUMs. La seule façon de déterminer qu'une catégorie est valide, et par conséquent qu'elle correspond à des PAUMs authentiques, doit se faire ici *a posteriori* en se basant sur la cardinalité des catégories. Celles-ci seront considérées valides si elles renferment un nombre minimal d'objets, ce qui s'explique par le fait que seuls les PAUMs authentiques répètent régulièrement dans un signal. La Fig. 2.5 montre un exemple de catégorisation réussie pour le signal de la Fig. 2.2.

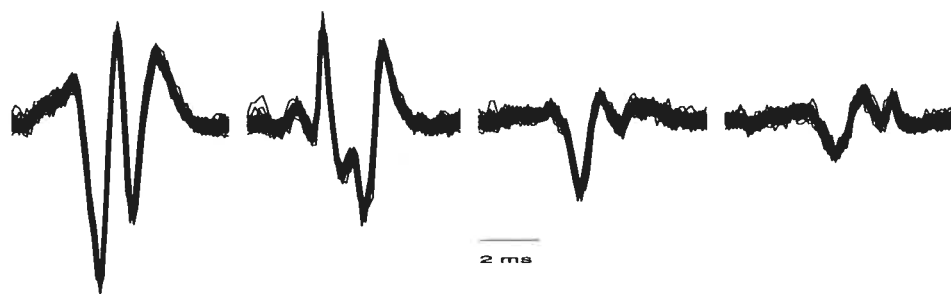


Figure 2.5 – Catégorisation de PAUMs extraits du signal de la Fig. 2.2.

La catégorisation comporte deux objectifs : 1) déterminer le bon nombre de catégories, c'est-à-dire le nombre d'UMs contribuant de façon significative au signal, et 2) produire des catégories homogènes, c'est à dire où tous les objets d'une même catégorie sont bel et bien similaires, de façon à pouvoir créer de bons prototypes. Pour faciliter l'assignation de segments à leur catégorie respective, on exploite souvent le fait que les UMs déchargent de façon assez régulière en utilisant les informations sur le patron de décharge [46, 51, 53, 54, 65, 76, 79, 84, 118]. Ici, les catégories sont mutuellement exclusives, de sorte qu'un objet ne peut appartenir qu'à une seule catégorie. Encore une fois, les superpositions de PAUMs sont considérées comme des anomalies et non comme des objets ayant un degré d'appartenance à plusieurs catégories simultanément.

Dans le domaine de l'apprentissage non supervisé, on retrouve deux familles de méthodes de catégorisation : les méthodes hiérarchiques et celles non-hiérarchiques (*partitionnal*). Une méthode est dite hiérarchique lorsqu'elle consiste en une séquence de partitions dans laquelle chaque partition est imbriquée (*nested*) dans une autre. En décomposition de signaux EMG intramusculaires, plusieurs méthodes de catégorisation sont de ce type [19, 34, 46, 52, 79, 97, 102, 108, 126, 134]. Ces méthodes peuvent être réalisées à l'aide de stratégies agglomératives ou par division (*divisive*). Dans le premier cas, on commence en assignant à chaque objet une catégorie distincte. Ceci constitue la première partition. Ensuite, tour à tour, on fusionne les catégories similaires selon un critère de distance pour former les partitions successives, et ce jusqu'à tous les objets soient regroupés dans une seule catégorie. À l'opposé, une stratégie par division débute avec tous les objets formant une seule catégorie et procède de façon inverse jusqu'à obtenir des catégories formées d'un seul objet. Pour la comparaison entre catégories, on peut employer une approche à liens simples (*single linkage*), où la distance est calculée par rapport à un seul objet par catégorie, ou encore une approche à liens complets (*complete linkage*), où chaque catégorie nouvellement formée est désignée par la moyenne de tous les objets qui la composent. Les méthodes hiérarchiques donnent lieu à des dendrogrammes, arbres qui reflètent la structure de la séquence de partitions. Un exemple de dendrogramme est illustré à la Fig. 2.6. Il s'agira donc de déterminer où couper le dendrogramme pour obtenir des catégories uniques et homogènes.

La deuxième famille de méthodes de catégorisation est formée de méthodes non-hiérarchiques qui, contrairement aux méthodes hiérarchiques, ne génèrent qu'une seule partition de l'ensemble des objets. Il s'agit ici de générer une partition qui minimisera globalement une fonction objective donnée, souvent la variance au sein de chaque catégorie.

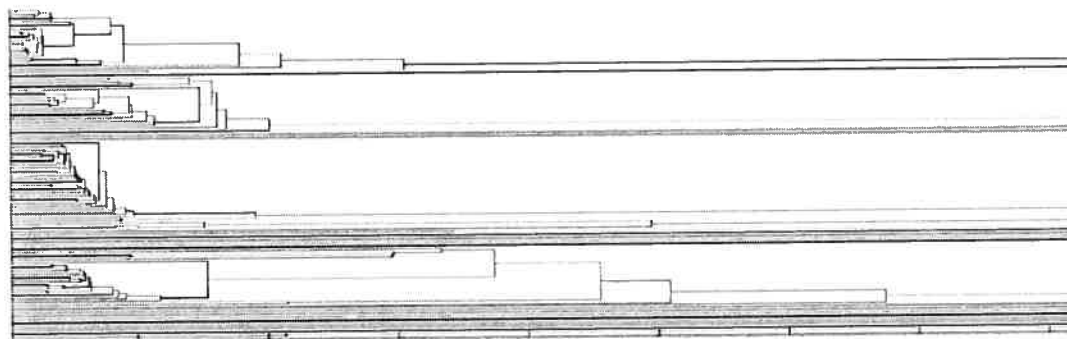


Figure 2.6 – Dendrogramme issu d’une méthode de catégorisation hiérarchique où la stratégie est agglomérative. Tiré de [97].

Cette variance tend à diminuer lorsque le nombre de catégories augmente et ne peut être minimisé que pour un nombre fixe de catégories. Dans ces méthodes, il faut donc disposer d’un estimé initial du nombre de catégories et de leur centroïde (moyenne). Les centroïdes peuvent soit être choisis au hasard ou au moyen d’heuristiques. Ensuite, les objets sont assignés tour à tour à la catégorie dont le centroïde est le moins distant. Les centroïdes de chaque catégorie peuvent être mis à jour après chaque assignation ou encore seulement après l’assignation de tous les objets. Plusieurs itérations peuvent être nécessaires avant que les centroïdes des catégories ne se stabilisent, ce qui signifie que les objets ne changent plus de catégories. Les méthodes non-hiérarchiques sont sensibles à l’ordre dans lequel les objets leur sont présentés, mais la complexité est grandement réduite du fait qu’un seul objet à la fois est considéré pour la comparaison avec les centroïdes. Dans le domaine de décomposition de signaux EMG intramusculaires, plusieurs systèmes emploient une méthode de catégorisation basée sur une approche semblable [5, 14, 67, 76, 84, 93, 106, 114, 122, 125]. Autrement, on retrouve aussi des réseaux de neurones artificiels [13, 54, 62, 100, 131], particulièrement des cartes auto-organisatrices (*self-organizing feature maps*) [15, 45], des réseaux ART (*adaptive resonance theory*) [99] et des réseaux de Hopfield [128].

2.3.4 Classification

La plupart des systèmes de décomposition n'utilise que l'étape de catégorisation pour l'assignation des PAUMs à leur UM respective [117]. Toutefois, certains systèmes utilisent la catégorisation pour construire leurs prototypes de PAUMs et, dans un deuxième temps utilisent ces mêmes prototypes maintenant étiquetés pour une classification supervisée de tous les PAUMs contenus dans un signal [19, 46, 51, 54, 116]. Une méthode de classification simple et très répandue en décomposition et l'appariement de gabarits (*template matching*), où l'on compare tous les segments aux prototypes de PAUM disponibles [6, 25, 46, 49, 53, 63, 76, 110, 129, 132]. Comme il s'agit de repérer toutes les occurrences de PAUMs dans le signal, il faut composer avec leur variabilité de forme et, dans certains cas, la similarité de forme entre PAUMs correspondant à des UMs distinctes. Seuls les PAUMs qui ne se chevauchent pas peuvent être classifiés à cette étape alors que les superpositions sont laissées pour plus tard.

2.3.5 Résolution de superpositions

Lorsque des PAUMs d'UMs distinctes se chevauchent, la portion de signal résultante est la somme de tous les PAUMs individuels, lesquels voient leur forme être distordue. Les superpositions sont désignées partielles lorsque les PAUMs ne se chevauchent qu'en leurs extrémités et elles sont désignées complètes lorsque les PAUMs se chevauchent complètement. Dans la catégorie des superpositions complètes, on compte les interférences constructives qui se produisent lorsque les PAUMs se retrouvent en phase, donnant lieu à des formes d'onde ayant une plus grande amplitude, et les interférences destructives lorsque les phases s'annulent et que la forme d'onde résultante est de faible amplitude. Ainsi, ces PAUMs ne peuvent être assignés à leur UM respective lors l'étape

de classification. Selon le nombre d'UMs dans le signal et leur fréquence, le nombre de superpositions peut être plus ou moins élevé et, par conséquent, le patron de décharge obtenu jusqu'ici sera incomplet. Afin de repérer un maximum d'occurrences de PAUMs dans un signal, il faut pouvoir résoudre de telles superpositions, c'est-à-dire déterminer les PAUMs impliqués ainsi que leur décalage relatif. On passe alors d'un problème de classification à un problème d'optimisation où l'espace de recherche croît exponentiellement avec le nombre de gabarits et de décalages admissibles.

Mentionnons que la solution recherchée est toujours unique puisqu'en pratique une superposition donnée est nécessairement générée par une combinaison précise de PAUMs et de décalages temporels. Toutefois, il peut arriver en présence de bruit que la solution réelle ne soit pas celle qui minimise la fonction objective choisie [83]. D'autres combinaisons de PAUMs/décalages peuvent alors donner des formes d'onde qui épousent mieux la superposition. Même dans ces cas extrêmes, si l'identité des PAUMs de la solution finale est erronée ou encore si les décalages dépassent la tolérance permise, on jugera qu'il y a erreur d'identification (faux négatifs et/ou positifs).

Les stratégies de résolution de superpositions se subdivisent en deux catégories. La première qui est plus répandue est le peeling séquentiel (*peel-off approach*) [15, 34]. Elle consiste à choisir le gabarit de PAUM qui ressemble le plus à la superposition, soustraire ce gabarit de la superposition à un endroit donné et répéter l'exercice avec le signal résiduel jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt soit atteint. L'assignation des PAUMs à leur catégorie respective s'effectue soit au fur et à mesure aussitôt après chaque soustraction ou encore en bloc à la toute fin une fois qu'il a été déterminé que la superposition originale ressemble à l'addition de tous les gabarits sélectionnés. La deuxième stratégie en est une

de modélisation. Il s'agit de synthétiser des formes d'onde s'apparentant à la superposition originale en essayant plusieurs combinaisons de gabarits et de décalages [83]. Le signal synthétique qui est le plus près de la superposition est choisi et les assignations de PAUMs à leur catégorie respective sont faites en conséquence. La stratégie de peeling séquentiel est efficace en présence d'interférences partielles, alors que certains gabarits sont bien corrélés avec la superposition. Cependant cette même stratégie ne fonctionne pas bien en présence d'interférences destructives ou constructives. La stratégie de modélisation est en principe capable de résoudre tous les types de superpositions. En contrepartie, le peeling séquentiel est beaucoup plus rapide que la modélisation puisque les gabarits ne sont considérés qu'un seul à la fois. En effet, il faut un maximum de $2NM$ tentatives pour résoudre une superposition par peeling séquentiel [117] et un maximum de $\sum_{i=1}^N \frac{N!}{i!(N-i)!} \times M^i$ tentatives par la modélisation, où N est le nombre total de gabarits et M le nombre total de décalages admissibles pour l'appariement. C'est pourquoi on limite d'ordinaire le nombre de gabarits admissibles à un maximum de $N = 3$ ou 4 afin de réduire l'espace de recherche et donc le temps consacré aux tentatives de résolution de superpositions.

CHAPITRE 3

ARTICLE I – DÉCOMPOSITION AUTOMATISÉE DE SIGNAUX EMG INTRAMUSCULAIRES

3.1 Situation de l'article dans la thèse

Ce premier article jette les bases du système de décomposition que nous avons développé. Toutes les étapes de décomposition, telles que répertoriées dans le chapitre précédent à la section 2.3, sont présentées : 1) la segmentation, 2) l'extraction d'attributs, 3) la catégorisation, 4) la classification et 5) la résolution de superpositions. Les méthodes utilisées pour les étapes 1, 4 et 5 se retrouvent déjà dans la littérature. Ainsi, la segmentation s'effectue par une approche à deux seuils alors que la classification s'effectue par appariement de gabarit. Quant à la résolution des superpositions, elle s'effectue par peeling séquentiel (*peel-off*). Dans le système, nous avons utilisé deux modules indépendants : un pour l'extraction non-supervisée des gabarits (étapes 1 à 3) et un autre pour l'identification des PAUMs (étapes 4 et 5). Le système se distingue de ce qui a déjà été publié par l'utilisation d'arbres squelettiques. Empruntés au domaine de vérification de signatures manuscrites, ils permettent de décrire les PAUMs de façon fiable à partir de seulement 3 attributs : la séquence des maxima et des minima locaux, la séquence d'amplitudes de ces extrema et la séquence de leurs décalages relatifs. Ce petit nombre d'attributs se traduit par une grande vitesse d'exécution, ce qui constitue un avantage par rapport à d'autres méthodes. Les arbres squelettiques sont ensuite catégorisés s'ils sont identiques ou s'ils le deviennent suite à un nombre limité d'opérations élémentaires, à

savoir la suppression, l'ajout et la substitution de nœuds. Ceci permet une catégorisation rapide des PAUMs similaires. Notre autre contribution originale est la mesure de similarité utilisée pour comparer les formes d'onde entre elles : la pseudo-corrélation (PsC). Il s'agit d'une nouvelle mesure mise au point spécifiquement pour le problème sous étude et qui se veut un croisement entre la corrélation traditionnelle et la norme L1 entre deux vecteurs. L'avantage de la PsC est qu'elle permet d'identifier les PAUMs de façon plus fiable qu'avec la distance Euclidienne qui est habituellement utilisée.

Automated Decomposition of Intramuscular EMG Signals

J.R. Florestal¹, P.A. Mathieu¹, A. Malanda²


¹Institut de génie biomédical (dépt. de physiologie), Université de Montréal, Canada

²Departamento de Ingeniería Eléctrica y Electrónica, Universidad de Navarra, Spain

Pierre A. Mathieu
Institut de génie biomédical
Université de Montréal
Pav. Paul G. Desmarais
2960 Chemin de la tour, local 2513
Montréal (Qc), H3T 1J4, Canada

Tel.: (514) 343-6369

Fax: (514) 343-6112



Acknowledgements: This work was supported by funding from NSERC (#156144-04). J.R. Florestal holds a scholarship from NSERC and A. Malanda was supported by Departamento de Salud del Gobierno de Navarra and a Spanish MECD grant. The authors gratefully acknowledge Dr. A. Smith for his editing of the manuscript.

Publié dans: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 53(5):832-839 (2006)

3.2 Abstract

We present a novel method for extracting and classifying motor unit action potentials (MUAPs) from one-channel electromyographic recordings. The extraction of MUAP templates is carried out using a symbolic representation of waveforms, a common technique in signature verification applications. The assignment of MUAPs to their specific trains is achieved by means of repeated template matching passes using pseudo-correlation, a new matched-filter-based similarity measure. Identified MUAPs are peeled off and the residual signal is analyzed using shortened templates to facilitate the resolution of superimpositions. The program was tested with simulated data and with experimental signals obtained using fine-wire electrodes in the biceps brachii during isometric contractions ranging from 5 to 30 % of the maximum voluntary contraction. Analyzed signals were made of up to 14 MUAP trains. Most templates were extracted automatically, but complex signals sometimes required the adjustment of 2 parameters to account for all the MUAP trains present. Classification accuracy rates for simulations ranged from an average of 96.3 ± 0.9 % (4 trains) to 75.6 ± 11.0 % (12 trains). The classification portion of the program never required user intervention. Decomposition of most 10-s-long signals required less than 10 s using a conventional desktop computer, thus showing capabilities for real-time applications.

Index terms: electromyography, decomposition, template matching.

3.3 Introduction

Investigation of the electrical signals at the origin of muscular contractions can provide valuable information on the functioning of the nervous system, which can eventually be used for diagnostic purposes. Muscles are set in action following the activation of motoneurons (MNs). Each MN innervates a specific group of muscle fibers, the ensemble forming a motor unit (MU). When a MN is active, it generates a train of discharges. Each discharge produces a volley of action potentials (APs) in the innervated muscle fibers. At a given recording site, the sum of the extracellular potentials associated with the volley produces a waveform called a motor unit action potential (MUAP). Morphological characteristics of the MUAPs remain fairly constant for a MU but are usually different for each MU [76, 77, 118]. Such activity can be recorded with indwelling electrodes and the electromyographic (EMG) signal collected is composed of MUAPs recorded within the pick-up volume of these electrodes. The force produced during a contraction is modulated by the firing rate of the MUs and by the number of simultaneously active MUs. It is thus possible during low to moderate contractions to extract the constituent MUAP waveforms of the recorded signal and then track individual MUAP occurrences.

Intramuscular EMG signal decomposition, a field whose history spans more than three decades, has challenged scores of researchers over the years and many algorithms are now available. Recent advances in computer technology have led to tremendous progress in automation of this process, a considerable improvement from the early days where decomposition was carried out manually. Still, most algorithms show limitations that have so far prevented their widespread acceptance in clinical settings. Algorithms designed to decompose signals made of no more than 6 trains [15, 132] do not exploit the entire scope of this diagnostic tool since they are limited to weak contractions and/or the use of

electrodes with highly restricted pick-up zones. Some algorithms suitable for stronger contraction levels are either time consuming [76] or require extensive user input [34]. Others are relatively fast but do not attempt to resolve superimpositions [84, 118] resulting in rather low overall accuracy rates. Incidentally, superimposition resolution, for a long time the stumbling block of decomposition, seems to have evolved into an own independent field with recent work aiming at tackling this problem separately [69, 83].

Presently, few algorithms, if any, combine speed, accuracy and complete autonomy. While these qualities are desirable for any decomposition program, the purpose of this work was to meet these requirements for EMG recordings typically encountered in research protocols where signals are recorded in a controlled fashion. To rapidly obtain reliable templates with which individual MUAP occurrences could be detected, our method incorporates a symbolic representation of MUAPs and pseudo-correlation, a novel matched-filter-based similarity measure [13, 34, 50]. Symbolic representation is a technique used in signature verification [101] and other shape recognition applications [28, 59]. As for pseudo-correlation, it has shown higher specificity in classifying MUAPs than cross-correlation and the normalized Euclidean distance. We consider that the use of these techniques could help develop new strategies for the EMG decomposition problem. The approach appears to be promising since intramuscular EMGs recorded at levels ranging from 5 to 30 % of the maximum voluntary contraction (MVC) have been decomposed with little parameter adjustment. Processing times were roughly equivalent to the duration of the recorded signals, suggesting that the technique has the potential to be used in real-time applications.

3.4 Methods

3.4.1 MUAP Extraction

The decomposition program is made of an extraction module, meant to determine the EMG signal's constituent MUAP waveforms, and a classification module, which consists in assigning MUAP occurrences to their respective trains. The extraction of templates runs through 4 steps: the *segmentation* of the signal into MUAP candidates, the *clustering* of these candidates, the *windowing* of the clustered waveforms and *the pruning/merging* of the clusters.

i) Segmentation. The EMG input signal is first broken down into non-overlapping segments of different lengths isolating regions of relevant MU activity (Fig. 3.1 (a)). A MUAP candidate begins when an amplitude or a slope threshold is exceeded and concludes when neither requirement is met. An initial baseline value B_1 is determined as:

$$B_1 = \frac{\sum_{i=1}^n |\hat{V}_i|}{n} \quad (3.1)$$

where $\hat{V} = [\hat{V}_1, \hat{V}_2, \dots, \hat{V}_n]$ is the set of local extrema whose magnitude is comprised within the range $[0.5 V_1^{RMS}, V_1^{RMS}]$ and where V_1^{RMS} is the root-mean-square (RMS) value of the complete signal. The upper value reduces the bias towards large MUAPs, while the lower one ensures the baseline remains above the recorded noise level. The slope threshold, which amounts to a minimum amplitude variation of B_1 within a 1-ms sliding time window [5, 52], prevents wrongfully discarding zero crossings where MUAPs show rapid transitions. To avoid dealing with spurious spikes or incomplete waveforms, only segments larger than 3 times the window width of 1 ms are considered, and these

waveforms are removed from the signal. After this first pass, if the average magnitude of the remaining local extrema exceeds the ensuing RMS value, V_2^{RMS} , by a factor ≥ 2 , the residual signal is segmented once more with $B_1 = 2V_2^{RMS}$ as the new baseline, otherwise the segmentation stops. A two-threshold approach ($\vec{B} = [B_1, B_2]$) optimizes segmentation results for complex signals, focusing on separating large MUAPs that only interfere at their extremities (see Fig. 3.1 (a), candidate #4) while detecting small MUAPs that would otherwise be overlooked.

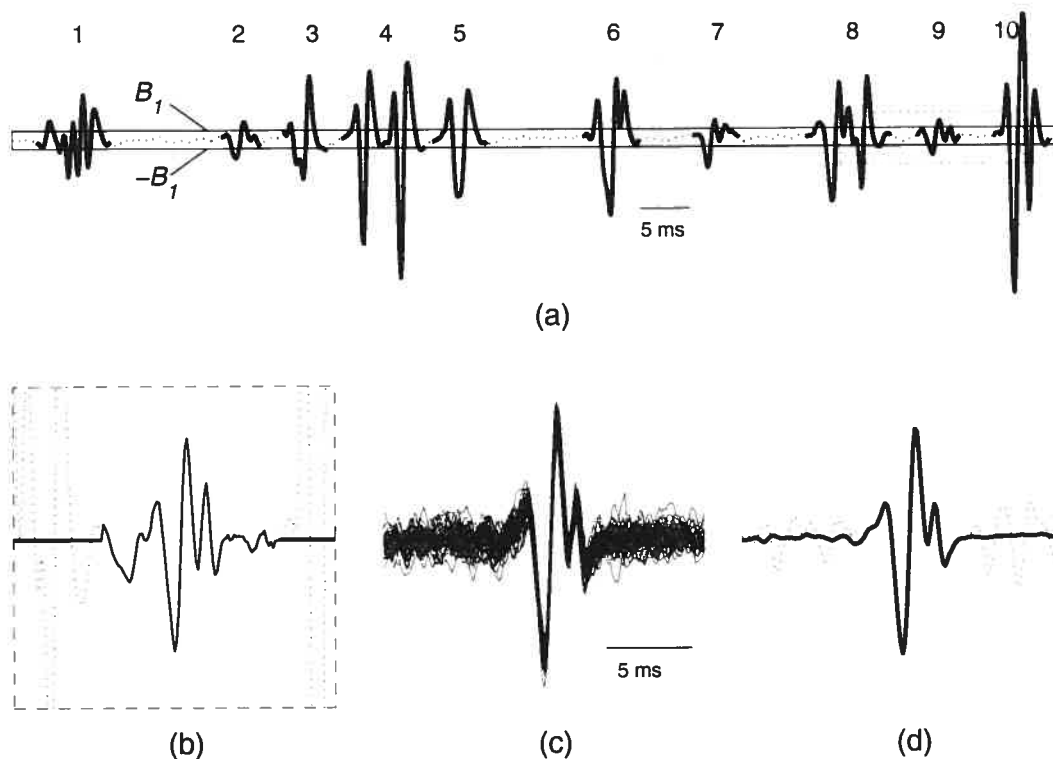


Figure 3.1: Segmentation procedure on an EMG signal collected at 20 % MVC. (a) Portion of the signal showing 10 identified MUAPs candidates obtained from a single B_1 baseline. (b) Zoom on the dashed 20-ms-wide window centered about MUAP #9 in (a). Portions of the neighboring MUAPs #8 and #10 (dotted), which partially appear at the window extremities, are set to zero (bold). (c) MUAP cluster obtained as a result of our 'windowing' scheme. (d) The solid line represents the template obtained by averaging the MUAPs in the cluster shown in (c); the dotted line represents a template with distorted extremities resulting from the average of unprocessed 20-ms-long MUAPs.

ii) Clustering. Each MUAP candidate detected following the segmentation procedure is described symbolically using 3 features. An example of our symbolic waveform representation is shown in Fig. 3.2 (a). The first feature is the sequence of extrema separated by a baseline crossing, whereby peaks and valleys are respectively labeled with the digit 2 and 1. ‘Baseline’ will henceforth refer to the B_1 or B_2 value with which a given candidate was detected. For the second feature, each extremum is assigned an integer between 1 and 9, corresponding to the rounded ratio of its magnitude divided by the baseline. Double-digit ratios are set to the maximum value of 9. The third symbolic feature is the time separating each consecutive extrema pair, which is also assigned an integer between 1 and 9. This value corresponds to the rounded timing ratio with respect to a quarter of the segmentation window width (*i.e.* 0.25 ms). Each of these 3 features is given a label corresponding to the number generated by the concatenation of the single digits. Candidates sharing identical labels for all three features are grouped together. To account for shape variability and possible round-off discrepancies, label editing is also allowed [80, 113]. Candidates whose magnitude or timing labels have the same length but differ by at most one unit for one digit are considered almost identical and are clustered. In Fig. 3.2 (a) for example, the timing label ‘64683’ is almost identical to ‘64783’ but not to ‘65583’ or ‘6468’. Since a two-threshold approach is used, label comparison is performed exclusively amongst MUAPs produced by the same baseline, *i.e.* B_1 -MUAPs cannot be clustered with B_2 -MUAPs.

iii) Windowing. MUAP candidates of a given cluster are aligned and centered about their largest peak in a window large enough to encompass the lengthiest waveform encountered (~ 20 ms). Candidates that may appear near the window extremities are removed, *i.e.* their locations are filled with zeros (Fig. 3.1 (b)). This way, the clusters

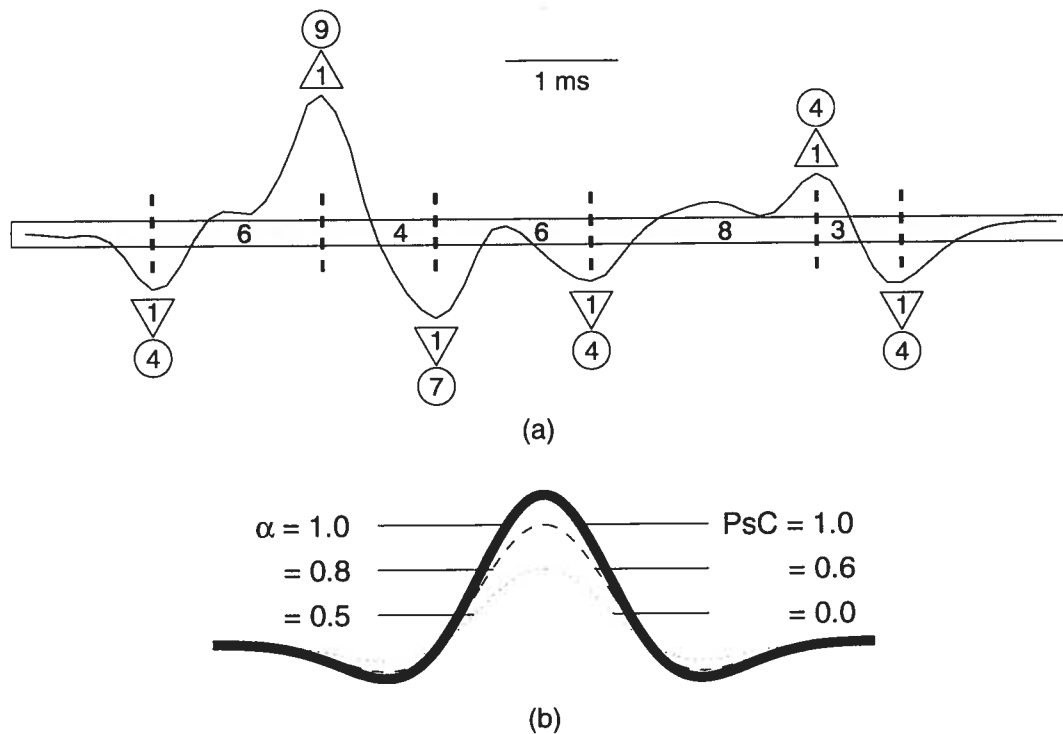


Figure 3.2: (a) MUAP candidate to which symbolic labels are attributed. Upward and downward pointing triangles hold numbers assigned to valleys (1) and peaks (2) separated by a baseline crossing (sequence: 121121). Circles hold numbers corresponding to the rounded magnitude ratio with respect to the baseline (magnitude: 497444). Numbers between dashed lines indicate the rounded inter-extrema ratio with respect to the segmentation window size (timing: 64683). (b) Pseudo-correlation (PsC) similarity measure with the MUAP-like shaped template $x(t) = \cos(t) \exp(-0.2t^2)$ (thick line) and the waveforms $y(t) = \alpha \cos(t) \exp(-0.2t^2)$, with $\alpha = [0.5, 0.8, 1.0]$.

are made of candidates that are not distorted at their extremities from the presence of other MUAPs (Fig. 3.1 (c)), and templates can be obtained through conventional averaging (Fig. 3.1 (d)). This technique is similar to the interference cancellation algorithm proposed in [84].

iv) *Pruning/Merging*. Most clusters produced at this point are homogeneous, but some may contain MUAPs belonging to more than one train. For a given MUAP waveform, it

is also possible that its occurrences appear in more than one cluster. To guarantee intra-cluster homogeneity and inter-cluster uniqueness, *pseudo-correlation* (PsC) is used. It is defined as:

$$PsC_k = \frac{\sum_{j=1}^m x_j y_{k+j} - |x_j - y_{k+j}| \max(|x_j|, |y_{k+j}|)}{\sum_{j=1}^m (\max(|x_j|, |y_{k+j}|))^2}, \quad (3.2)$$

where $k = 1, 2, \dots, n$, $\vec{x} = [x_1, x_2, \dots, x_m]$, $\vec{y} = [y_1, y_2, \dots, y_n]$ and $m \leq n$. Vector \vec{x} is the sought-after template within the signal \vec{y} and the PsC vector holds similarity values at different lags of \vec{x} with respect to \vec{y} . The term $x_j y_{k+j}$ provides phase information while absolute differences are penalized by subtracting $|x_j - y_{k+j}| \max(|x_j|, |y_{k+j}|)$. Resulting values are normalized with respect to $\sum_{i=1}^m \max(|x_i|, |y_{k+i}|)^2$ and negative values are set to zero. PsC is thus comprised between 0 (little similarity) and 1 (perfect match). Fig. 3.2 (b) shows an example of PsC values obtained between a MUAP-like shaped template $x(t) = \cos(t) \exp(-0.2t^2)$ and waveforms $y(t) = \alpha \cos(t) \exp(-0.2t^2)$, with $\alpha = [0.5, 0.8, 1.0]$. PsC outperforms standard cross-correlation-based matched filters, which would fail to distinguish between these in-phase yet dissimilar waveforms. When compared with the normalized Euclidean distance (NED):

$$NED = \frac{\|\vec{x} - \vec{y}\|}{\sqrt{\|\vec{x}\| \|\vec{y}\|}} \quad (3.3)$$

PsC shows comparable sensitivity but once again better specificity, as will be shown in the classification section.

In a given cluster, each MUAP candidate must share with the average template a PsC greater than a threshold E , otherwise the candidate is considered an outlier and is removed. The average template is then updated using the remaining candidates. Separate clusters whose average templates share a $\text{PsC} \geq E$ are merged, provided no minimal refractory period violations arise and a new average template is obtained following the merge. To check for clusters that may be time-locked with each other [54, 55], firing times are examined and, in such circumstances, redundant clusters are combined. Finally, only templates from clusters holding a minimum of 10 candidates (for a 10-s signal) are kept.

3.4.2 MUAP Classification

The classification of MUAPs runs through 2 steps: the tracking of MUAPs that are not interfered with and the resolution of superimpositions.

i) Interference-free tracking. In this first stage, templates are used to localize MUAPs that do not overlap with each other or only at their extremities. An example is given in Fig. 3.3, where the 4 templates in Fig. 3.3 (a) were extracted from a signal in Fig. 3.3 (b) where little overlap exists. Each of these templates is pseudo-correlated with the signal and the resulting PsC curves are shown in Fig. 3.3 (c). PsC values are generally zero except when there is a valid match. When the PsC exceeds a classification threshold, a MUAP is peeled off, *i.e.* its matching template is subtracted from the signal at the detected location, and the time of occurrence is stored. For comparison purposes, the matched-filter approach was tested with NED using the data in Fig. 3.3 (b), and the metric was transformed into a similarity measure through $\max(1 - \text{NED}, 0)$. Although

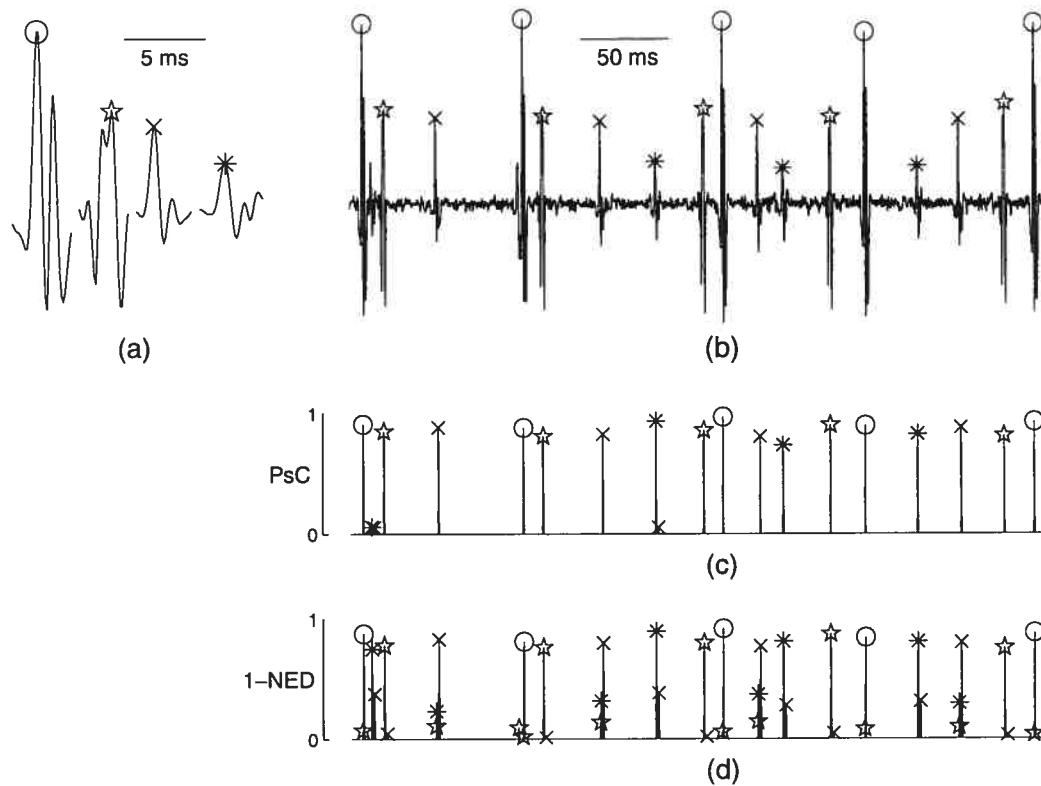


Figure 3.3: Interference-free MUAP tracking on an EMG signal collected at 5 % MVC. (a) MUAP templates. (b) Portion of the EMG signal. (c) Overlaid PsC curves obtained between each template and the signal. (d) Overlaid curves obtained with a normalized Euclidian distance (NED) based similarity measure. Markers relate to the templates shown in (a) at their specified locations.

results are similar to those obtained with PsC, the NED measure produces several spurious matches (Fig. 3.3 (d)), suggesting an edge in specificity for PsC.

ii) Superimposition resolution. At this point, most remaining MUAPs are involved in either partial or complete superimpositions, meaning that a recognition strategy focused on tracking template portions would be preferable. Therefore, templates are considered as being made of two separate entities: a rear and a front part, consisting of a MUAP's first and last halves, respectively. We have found that these 2 portions suffice to resolve most partial superimpositions and that adding others, *e.g.* templates shortened towards

their middle, is not efficient. The resolution process is similar to the techniques described in [33, 34]. For example, let us take the 3 MUAPs (Fig. 3.4 (a)) involved in the compound waveform shown as a solid line on the left-hand side of Fig. 3.4 (b). Initially, the rear of MUAP #2 is found to have the highest PsC with the waveform and the entire template is peeled off at the appropriate lag. Then, the front end of MUAP #3 shows high similarity with part of the residual waveform (middle of row (b)) and this template is peeled off as well. This leaves a waveform (right of row (b)) that best matches the front end of MUAP #1. Removing these 3 MUAPs leaves only noise (not illustrated) and the process is stopped. To refine the initial alignment, an iterative process using sub-sampling-interval precision obtained through interpolation is used [13, 85]: each template is pseudo-correlated with the initial compound waveform, from which the algebraic sum of the other templates is subtracted (Fig. 3.4 (c)). The template is shifted to the lag that produces the highest PsC, and the same operation is carried out repeatedly with the other templates until the algorithm converges to an optimal alignment. Templates (rear and front parts combined) showing a PsC greater than the classification threshold are permanently peeled off, otherwise the unmatched waveforms are left for another analysis. Complete superimpositions, for which even template portions are not recognizable, require a slightly different approach. We first try to peel off templates at the most important peaks and valleys of the compound waveforms in hope of revealing familiar MUAP landmarks. When this strategy succeeds, the PsC of the reduced template portions is resumed, otherwise peel-offs are attempted until all peak and valley locations have been exhausted.

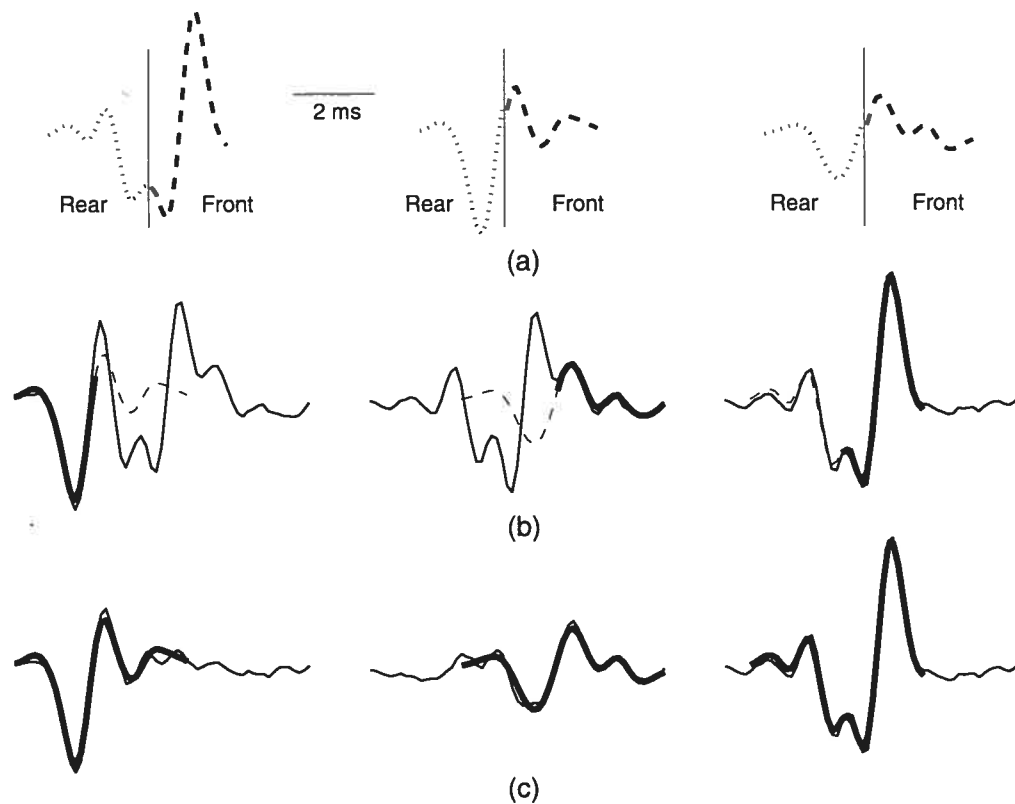


Figure 3.4: Superimposition resolution procedure for a compound waveform involving 3 MUAPs. (a) Templates separated into two portions, front and rear. (b) Resolution sequence using reduced template portions. (c) Comparison between the compound waveform (solid), from which 2 templates are peeled off, and the remaining third template (bold).

3.4.3 Experimental Protocol

Experimental EMG signals were obtained from two healthy subjects (S1 and S2) using fine-wire electrodes (Chalgren, USA) during 10-s isometric contractions of the biceps brachii [82]. Electrodes were inserted into the muscle belly at a depth of 10 mm and the reference electrode was located on the subject's wrist. Monopolar signals were amplified and bandpass filtered (3 Hz – 3 kHz) before being sampled at 8 kHz. Bipolar signals used for decomposition were obtained through software differentiation. The contraction levels considered ranged from 5 to 30 % MVC (6 levels, 5 % MVC increment) with 5

trials conducted per level. To minimize the effects of fatigue, 2-minute rest periods were allowed between levels. The experiments were repeated on 5 separate occasions within a two-week period, with a minimum interval of 2 days. Thirty experimental EMGs, all chosen among different sets of 5 trials, were thoroughly examined to produce accuracy rate estimates. Ten signals acquired at 5–10 % MVC came from S1 and 20, acquired at 15–30 % MVC, came from S2. This disparity is the consequence of a much higher torque output generated by S1 at 100 % MVC (20 kg vs. 10 kg for S2), which resulted in complex interference patterns that could not be decomposed at contraction levels $> 10\%$ MVC.

3.4.4 Simulation Protocol

To corroborate the findings made from real data, simulated data were used. Synthesized signals were generated using MUAPs from the extracted clusters (see Fig. 3.1 (c)). These waveforms were scattered randomly throughout the signal in such a way that the mean and standard deviation (SD) of the resulting MU inter-discharge intervals (IDIs) would roughly match the mean and SD of the IDIs found experimentally. For example, if MUs from real data had firing rates of 10.0 ± 1.0 Hz and 12.0 ± 2.0 Hz, the simulated MUs would also have firing rates of 10.0 ± 1.0 Hz and 12.0 ± 2.0 Hz. The entire set of extracted MUAPs (not the templates) was used to account for MUAP shape variability as well as for asynchrony, meaning that no additional distortion or sub-sampling-interval interpolation was needed. However, this technique was optimistically biased since extracted MUAPs shared a relatively high PsC. Signals recorded during our subjects' rest periods were added as background noise. In total, 25 signals were synthesized and as-

signed to five different groups according to their number of trains that was 4, 6, 8, 10 or 12.

3.5 Results

3.5.1 Experimental Data

Extraction accuracy was computed with respect to the total number of 225 MUs, which were manually identified over the entire set of 30 EMG recordings. This represents an average of 7.5 MUs per recording. The number of extracted templates for each individual recording was added and the sum was divided by 225 to produce global accuracy estimates. The extraction threshold E was set to 0.60, a trade-off between lax tolerance of MUAP variability and stringent intra-cluster similarity constraints. With $E = 0.60$, 190 MU templates out of the 225 (84.4 %) were accurately extracted, *i.e.* MUs were accounted for only once and the clusters were homogeneous. Extraction errors consisted of 31 missing templates (13.8 %), 2 listed more than once (0.9 %) and 2 inhomogeneous clusters that held MUAPs belonging to more than one MU (0.9 %). E was then adjusted and/or the automatic determination of \vec{B} was manually overridden to ensure extraction results would be entirely accurate before resuming classification. The mean processing time was 0.4 ± 0.1 s on a 2.66 GHz Pentium IV computer.

The classification module was tested for its ability to decompose signals without parameter adjustments from the user. The PsC thresholds were set to [0.75, 0.60, 0.50], as 3 successive passes with monotonically decreasing similarity requirements were carried out to facilitate the tracking of distorted MUAPs. Classification rates steadily declined with increasing signal complexity, ranging from of 92.6 ± 5.0 % at 5 % MVC to an esti-

mated $72.3 \pm 13.4\%$ at 30 % MVC. Processing times were more variable than for extraction, with the mean time being 5.2 ± 5.6 s and the fastest and slowest times being 0.2 s and 17.4 s, respectively. Visual inspection of the MUAP train markers (see Fig. 3.3 (b)), of the firing patterns and of the residual signal were the only means of assessing the validity of the decomposition. While extraction results could be verified with a high level of confidence, classification accuracy rates could only be estimates, reliable when the MUAP train count ≥ 5 , but rough at best when > 8 .

Decomposition results for one of the most complex signals encountered are given in Fig. 3.5, with a 500-ms portion shown in Fig. 3.5 (a) and the residual signal after completion of the classification procedure presented in Fig. 3.5 (b). The firing patterns of the 14 detected MUAP trains for the first 5 s of the recording are shown in Fig. 3.5 (c), while the extracted MUAP templates ranked by their peak-to-peak amplitude are presented in Fig. 3.5 (d). In this signal, the aggregate number of MUAPs per second was estimated at about 170. The highest accuracy rate was estimated at 96.7 % (117 of 121) for MUAP #1 and the lowest at 45.3 % (63 of 139) for MUAP #14, the latter not detectable with a B_1 baseline level.

3.5.2 Simulated Data

With a mean total number of MUAPs per second ranging from 42.4 to 155.0, decomposition results for simulated data were similar to those obtained with real data of comparable complexity. The 25 signals considered featured a total of 200 simulated MUs (5 trials \times [4+6+8+10+12] MUs). Of these 200 MUs, 174 were extracted (87.0 %) with no parameter adjustments, 25 were overlooked (12.5 %) and 1 was duplicated (0.5 %). No cases of cluster inhomogeneity were observed. Processing times were stable at 0.4 ± 0.1 s. The

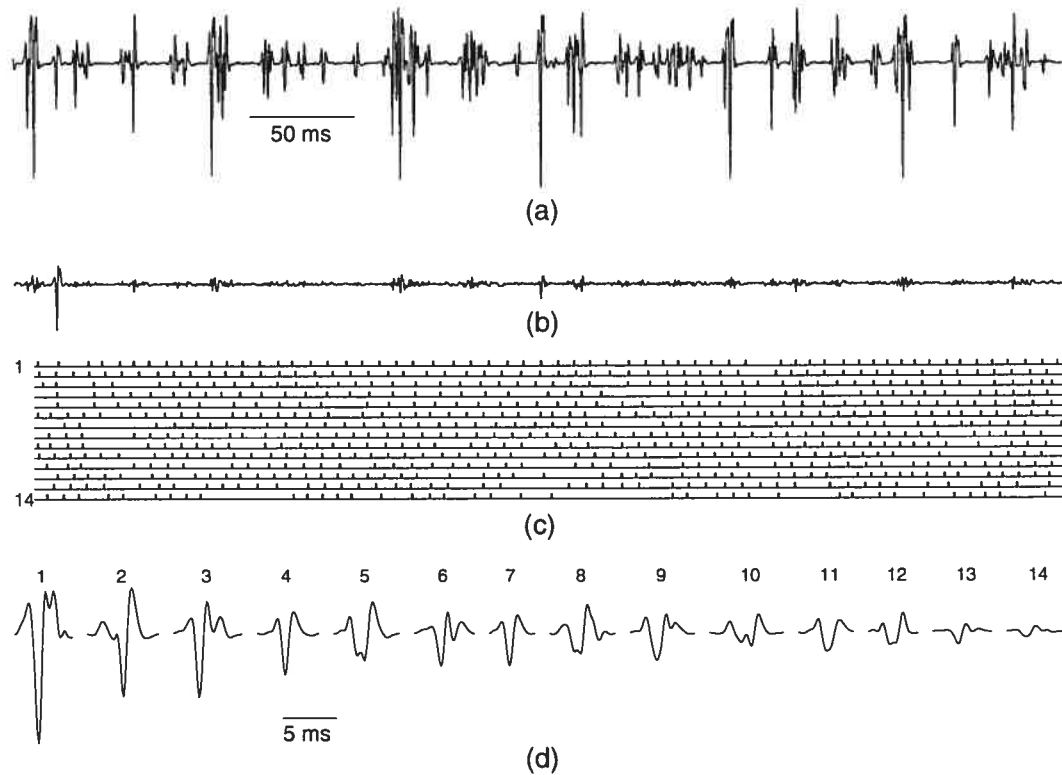


Figure 3.5: Decomposition results for an EMG signal collected at 30 % MVC and made of 14 MUAP trains. (a) 500-ms portion of the input signal. (b) Corresponding portion of the residual signal remaining after completion of the classification procedure. (c) Firing patterns for 5 s of the 10-s recording. (d) Extracted MUAP templates. All templates could be detected with a B_1 baseline level except for MUAPs #13-14, which required a B_2 baseline. Same amplitude scale in (a), (b), and (d).

classification accuracy rates (Table 3.I), ranged from $96.3 \pm 0.9\%$ to $75.6 \pm 11.0\%$. Here, accuracy was defined as the ratio of good assignments less the number of false assignments over the total number of MUAPs. Missed assignments accounted for $94.6 \pm 6.0\%$ of the classification errors. Processing times showed variability once again at 4.6 ± 5.0 s.

# trains	MUAPs	Accuracy (%)	False negatives (%)	False positives (%)	Time (s)
4	475 ± 43 (424 - 532)	96.3 ± 0.9 (94.9 - 97.1)	0.0 ± 0.0 (0.0 - 0.2)	3.8 ± 0.8 (2.9 - 5.1)	0.7 ± 0.1 (0.5 - 0.9)
6	752 ± 29 (709 - 799)	92.9 ± 4.0 (86.4 - 96.9)	0.3 ± 0.4 (0.0 - 0.9)	6.9 ± 3.7 (3.1 - 12.7)	1.5 ± 0.7 (0.8 - 2.5)
8	998 ± 71 (905 - 1082)	89.4 ± 4.2 (84.0 - 94.9)	0.9 ± 0.8 (0.0 - 2.1)	9.5 ± 3.8 (4.5 - 13.9)	2.8 ± 1.1 (1.5 - 4.0)
10	1253 ± 52 (1174 - 1301)	82.0 ± 9.0 (69.7 - 94.5)	1.5 ± 1.8 (0.2 - 4.6)	16.6 ± 8.5 (5.4 - 28.6)	7.0 ± 4.4 (2.5 - 14.3)
12	1505 ± 60 (1438 - 1550)	75.6 ± 11.0 (59.6 - 87.9)	1.9 ± 1.5 (0.6 - 3.6)	22.5 ± 9.6 (11.5 - 36.8)	10.6 ± 6.4 (4.8 - 21.2)

Table 3.I: Classification results obtained from simulations. Mean and standard deviation values for each set of 5 signals are listed in bold, while values in parentheses indicate the minimum and the maximum values encountered.

3.6 Discussion

Written in Matlab with 3 subroutines in C, the program was able to decompose most 10-s-long signals in less than 10s. Although not automatic per se, it could operate without user intervention, which, when needed, was limited to adjusting 2 parameters in the unsupervised extraction. The modular structure allowed studying MUAP morphology and MU firing patterns independently, as well as editing the set of extracted templates before resuming classification. This approach inevitably created redundancies, namely as MUAPs gathered in the extraction module had to be dealt with anew during classification. However, this small overhead had no significant bearing on the overall performance. The high extraction speed was the result of our symbolic representation, which allowed for reliable description of MUAP candidates with only 3 features and rapid clustering of those sharing recurring labels. These features sufficed to produce one homogeneous cluster for each train when waveforms stemming from distinct MUs had noticeably different shapes. With increasing inter-MU MUAP similarity, as symbolic representation alone became error-prone, intra-cluster homogeneity and

inter-cluster uniqueness were assured through PsC. Extraction could have been achieved solely using PsC, but with typically hundreds of MUAPs to classify, the algorithm would not have been as efficient. The use of PsC was better suited for verification purposes, ensuring a fast and accurate extraction for most signals.

Extraction accuracy was ascertained through visual inspection of the MUAP clusters, the residual signal and the MU firing patterns. All errors could be rectified by adjusting the extraction (E) and/or the baseline (\vec{B}) thresholds in accordance with the situation encountered. In cases of similarly shaped MUAPs coming from distinct trains, clusters could hold MUAPs belonging to more than one train. Increasing E then reestablished intra-cluster homogeneity. When MUAPs from a given MU displayed significant variability, different clusters could show an overwhelming shape similarity and the corresponding MU firing patterns were irregular. Decreasing E then reestablished inter-cluster uniqueness. When both situations occurred concurrently, extraction had to be carried out in successive steps, each time adjusting E to focus on groups of templates at once. Finally, even when clusters and firing patterns did not show cause for concern, inspection of the residual signal could reveal MUAP trains that had been overlooked. This situation called for a user-defined set of baseline thresholds, thus overriding the \vec{B} parameter determined automatically. The extraction threshold could also be decreased, in hope of gathering the minimum required number (10) of waveforms sharing a $\text{PsC} > E$ to consider a MUAP cluster as being valid. In all, 24 of the 55 signals analyzed required user intervention: E was increased 3 times, decreased 6 times and \vec{B} was adjusted 15 times.

The classification of MUAPs proved to be fast and reliable for signals of moderate complexity. With less than 100 MUAPs/s (≤ 8 trains), classification was fast, taking less

than 5 s for 10-s recordings to achieve overall accuracy rates $>85\%$. Accuracy rates for signals of similar complexity are on a par with results listed in [34, 52, 55], although the performance comparisons between algorithms would be more revealing if subjected to standardized methods [36]. In order to speed up the first classification phase, only a few strategic starting locations from the signal were tried, namely peaks and valleys of reasonable magnitude. For example, from 80000 sample points, typically less than 1000 starting locations needed to be thoroughly investigated, which was enough to find all interference-free matches in less than 0.5 s. This strategy prevents processing times from increasing dramatically at higher sampling rates, since, barring an excessive level of high frequency noise, the number of extrema should remain roughly the same. When signals showed an extensive degree of overlap, the second classification phase was heavily relied upon to resolve many superimpositions. Other than for the refractory period violation criterion, no assumptions were made regarding the identity of MUAPs using firing statistics. Consequently, lengthier processing times were sometimes observed due to the imposing number of template and shift combinations attempted.

Lower classification rates were obtained for signals with low signal to noise ratios (SNR) and involving several MUs, where, in addition, MUAPs from distinct trains showed significant amplitude disparity (amplitude ratios >10). For example, small B_2 -MUAPs could be classified when not interfered with, but were nearly impossible to track when involved in superimpositions with much larger MUAPs. In such cases, even the slightest discrepancy between a large MUAP and its template caused the residual waveform obtained after peel-off to be irreparably distorted, paving the way for several missed assignments. This partly explains the accuracy drop-off observed at MUAP train counts >8 , where the number of MUAPs per second was typically >100 . Another explana-

tion would be our algorithm's current inability to resolve complete superimpositions involving several MUAPs, especially cases of destructive interference (*e.g.* [83] Fig. 1). Finally, the classification thresholds were fixed to [0.75, 0.60, 0.50], but no single PsC set could be optimal over such a wide range of signals. Individually fine-tuning the similarity requirements should improve the overall accuracy.

Despite the promising results obtained, some aspects of the proposed method need to be addressed before it can be of use in a clinical setting. First, MUAPs were assumed to be time invariant since the isometric and isotonic contractions were of short duration and of moderate intensity. This assumption no longer holds for situations such as prolonged ramp-like contractions, during which the recording site(s) are likely to move relatively to the MU territories. Future work will involve tracking MUAP shapes with time: this could be achieved by providing a set of templates [50, 134] for each extracted MUAP instead of just one. By the same token, the program cannot deal with pathological MUAP shape variability because it relies solely on template matching. Reliability of the classification will have to be improved through the use of firing statistics to corroborate the outcome of ambiguous waveforms [5, 76, 77, 118]. Firing statistics could allow us to relax our high similarity requirements and reduce processing times during the superimposition resolution phase by quickly discarding temporally improbable template combinations. Finally, a more efficient superimposition resolution scheme should be devised or an already existing method [69, 83] could be implemented and used as an add-on. Efficiently classifying MUAPs involved in the superimpositions left unresolved could significantly improve the overall accuracy rates obtained at the higher contraction levels.

In conclusion, we have presented a new method capable of decomposing high-SNR experimental EMG recordings comprising up to 170 MUAPs/s (~ 14 trains). Simulations were also carried out to produce objective performance figures. The unsupervised extraction of templates could be achieved without user intervention for most signals of moderate complexity. When extraction errors occurred, these were rectified by adjusting at most two parameters. The low processing times observed (≤ 0.5 s) were due to the symbolic representation used to characterize waveforms. The classification of MUAPs was relatively fast (~ 10 s) and no user inputs were needed over a wide range of signals. The high specificity that was attained was the result of pseudo-correlation, a matched filter that optimizes both phase and absolute value information to produce reliable similarity measures. The program limitations have to do with intra-MU waveform variability, inter-MU waveform similarity and cases of complete superimpositions involving several MUAPs, although new developments are currently being carried out to overcome these problems.

3.7 Addendum

Cette section vise à clarifier le concept d'arbre squelettique décrit sommairement à la section 3.4.1. L'extraction d'attributs se fait uniquement à partir des extrema locaux qui dépassent le seuil d'amplitude et qui sont séparés par un passage par zéro. De cet ensemble d'extrema, 3 attributs sont extraits : les séquences de phases, d'amplitudes et de décalages relatifs entre extrema. Pour la séquence de phases, un minimum est étiqueté '1' et un maximum '2'. Pour la séquence d'amplitudes, la valeur associée à chaque extremum est le résultat de la division de l'amplitude par le seuil et le nombre fractionnaire obtenu est arrondi à l'entier le plus près. Pour la séquence de décalages relatifs, la valeur

associée à chaque paire d'extrema consécutifs est le résultat de la division du décalage temporel par la valeur fixe de 0.1 ms arrondi à l'entier le plus près. Puisque des paires d'extrema sont considérées, la séquence de décalages compte toujours un élément de moins que les séquences de phases et d'amplitudes.

Ce n'est qu'une fois ces séquences obtenues que l'arbre squelettique peut être construit. À la Fig. 3.6 (a), on peut voir le segment polyphasique de la Fig. 3.2 (a) auquel nous avons superposé son arbre squelettique équivalent. Chaque arbre est constitué de branches dont la phase et le nombre de nœuds sont liés aux diverses séquences. Cette représentation est équivalente à celle de la Fig. 3.6 (b), où l'on peut voir les valeurs de phases (triangle), d'amplitudes (cercle) et de décalages relatifs (bande grise) correspondant à chacun des extrema. Les étiquettes individuelles peuvent être concaténées afin de décrire chaque séquence à l'aide d'un seul nombre. Ainsi, l'arbre de la Fig. 3.6 (a) peut être décrit simplement par le vecteur d'attributs suivant : [121121, 497444, 64683]. En reconnaissance de formes, cette approche s'inscrit dans la famille des méthodes syntaxiques, où l'on mise sur des suites ordonnées de primitives [30]. L'avantage de cette approche est que les primitives, en l'occurrence les extrema locaux de chaque segment, sont plus faciles à reconnaître que les PAUMs eux-mêmes.

L'étape de catégorisation débute en regroupant tous les vecteurs d'attributs composés des mêmes trois éléments. Puisque les PAUMs authentiques se répètent assez souvent dans un signal, leurs vecteurs d'attributs se répéteront également, tandis que les superpositions qui ne se répètent jamais de la même façon auront des vecteurs d'attributs uniques. Ces anomalies peuvent alors être écartées rapidement. En raison de la variabilité intrinsèque aux PAUMs de même qu'à d'éventuelles erreurs de quantification, il arrive souvent que

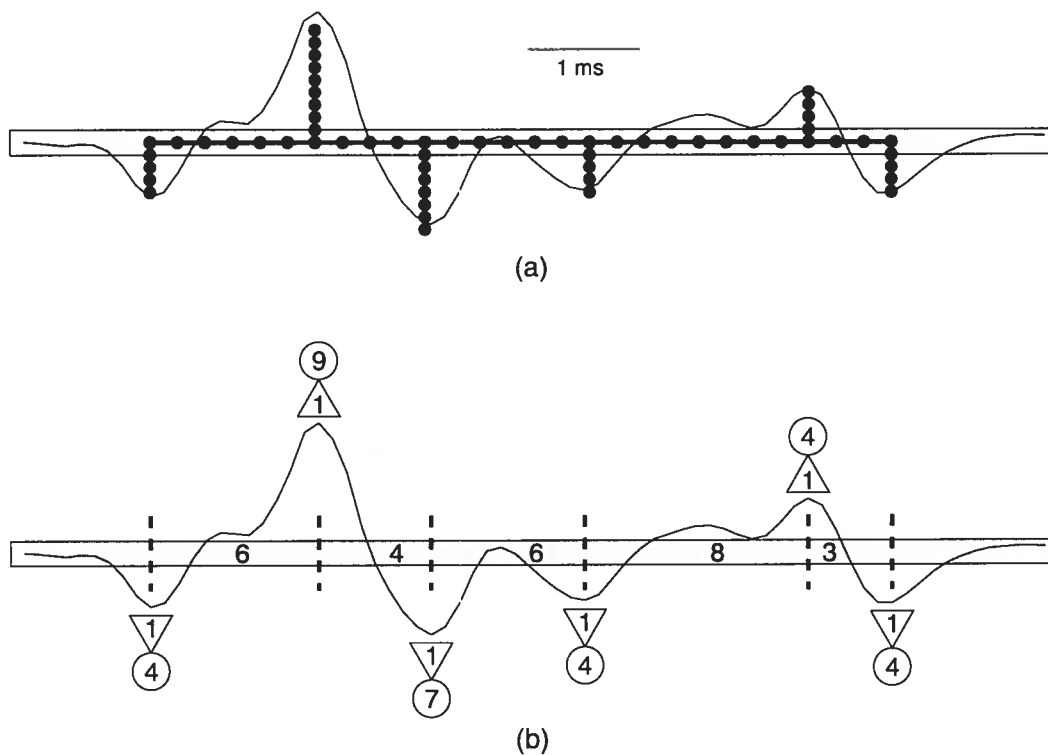


Figure 3.6 – (a) Arbre squelettique correspondant à un segment polyphasique. (b) Représentation symbolique : les étiquettes dans les triangles réfèrent à la phase d'un extréum, celles dans les cercles à l'amplitude et celles dans la bande grise au décalage entre extrema successifs.

des PAUMs associés à une même UM, même s'ils ont une forme similaire, soient décrits par des vecteurs d'attributs légèrement différents. Afin de remédier à cette situation, les catégories pour lesquelles les arbres squelettiques sous-jacents sont similaires sont fusionnés. Deux arbres seront considérés similaires s'ils peuvent être ramenés à un seul et même arbre à l'aide d'un nombre limité de d'ajouts et/ou de suppressions de nœuds. Ici le nombre maximal de transformations est 2. Une fois toutes les catégories semblables fusionnées, seules celles renfermant un nombre suffisant d'éléments, l'équivalent d'un par seconde de signal, seront retenues.

CHAPITRE 4

ARTICLE II – RÉOLUTION DE SUPERPOSITIONS À L'AIDE D'UN ALGORITHME GÉNÉTIQUE

4.1 Situation de l'article dans la thèse

Ce deuxième article porte sur la résolution de superpositions de PAUMs dans le but d'augmenter le taux d'identification des PAUMs. Ces superpositions peuvent être partielles, constructives ou destructives. Les deux derniers cas sont les plus complexes car les PAUMs se chevauchent complètement, ce qui rend leur identification difficile. La résolution de telles superpositions constitue un problème d'optimisation ouvert pour lequel aucune solution satisfaisante n'a encore été proposée. La méthode de résolution par peeling séquentiel (voir Fig. 3.4 (a)), n'est seulement efficace que pour les superpositions partielles. Nous proposons ici une méthode de résolution universelle basée sur un algorithme génétique (AG) jumelé à une descente de gradient qui permet de résoudre avec un taux de succès supérieur à 90 % une vaste gamme de superpositions impliquant jusqu'à 6 PAUMs. Cette même méthode est également valable pour un plus grand nombre de PAUMs, mais les performances sont moins bonnes. Il est à noter que la littérature fait état de la résolution de 4 PAUMs superposés mais cet article est le premier portant sur la résolution de jusqu'à 6 PAUMs. Le fait de passer de 4 à 6 PAUMs constitue une amélioration considérable puisque la complexité du problème augmente de façon exponentielle avec chaque PAUM additionnel considéré.

A Genetic Algorithm for the Resolution of Superimposed Motor Unit Action Potentials

J.R. Florestal¹, P.A. Mathieu¹, R. Plamondon²

¹Institut de génie biomédical (dépt. de physiologie), Université de Montréal, Canada

²Département de génie électrique, École Polytechnique de Montréal, Canada

Pierre A. Mathieu
Institut de génie biomédical
Université de Montréal
Pav. Paul G. Desmarais
2960 Chemin de la tour, local 2513
Montréal (Qc), H3T 1J4, Canada

Tel.: (514) 343-6369

Fax: (514) 343-6112

Acknowledgements: The authors gratefully acknowledge Dr. Kevin C. McGill for reviewing the manuscript and including the hybrid genetic algorithm as part of the EMGLAB software package. This work was supported by funding from NSERC (#156-144-04) to Pierre A. Mathieu and NSERC (#RGPIN915) to Réjean Plamondon. J.R. Florestal holds a scholarship from NSERC.

Accepté pour publication dans: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*
(février 2007)

4.2 Abstract

This paper presents a novel method, which aims at resolving difficult superimpositions of motor unit action potentials (MUAPs) obtained from single-channel intramuscular electromyographic recordings. Resolution is achieved by means of a genetic algorithm (GA) combined with a gradient descent method. This dual optimization scheme has been tested by means of simulations of isolated superimpositions involving 2 to 6 MUAPs, along with simulated extended signals of 10 s duration where the density reached 300 MUAPs per second. Of the hundreds of isolated superimpositions tested, more than 90 % of the MUAPs were positively identified. With extended signals, identification rates better than 85 % were obtained. The GA alone accounted for up to an 8 % improvement over decomposition conducted using only template matching.

Index terms: EMG, genetic algorithm, superimposition resolution, MUAP, decomposition.

4.3 Introduction

The contraction of muscles depends on the activity of motoneurons (MNs), each giving rise to a motor unit action potential (MUAP). During isometric and isotonic muscle contractions, a MUAP's shape remains fairly constant for each motor unit (MU) discharge at a given recording site. The spatial and temporal summation of these MUAPs results in the electromyographic (EMG) signal, which can be used for diagnostic purposes [11, 18]. Due to their unique shape, MUAPs can be tracked using pattern recognition techniques such as template matching [19, 20, 76, 77, 84, 117]. Since MU firings are asynchronous, MUAPs inevitably overlap from time to time over the course of a recording, making them difficult to locate. Resolution of these superimposed potentials into their individual constituents is a combinatorial optimization problem that requires determining the identities of the involved MUAPs as well as their relative time shifts.

The primary concern when resolving superimpositions is efficiency. Exhaustive searches that look for all possible MUAP alignments and combinations [76] are computationally prohibitive when the number of MUAPs exceeds 2 [35]. Among the quickest methods, the peel-off approach is the most widely used [15, 33, 34] but it relies heavily on superimposed waveforms that are well correlated with at least one of the MUAPs. When this condition does not hold, *e.g.* cases in which destructive or constructive interference occurs, the method fails. Although in the last few years new algorithms have been reported to deal with complex overlapping waveforms [13, 52, 66, 69, 83, 87, 94, 134], the resolution of superimpositions involving an arbitrary number of MUAPs is still an open problem and new strategies are sought to improve the situation.

Superimposition resolution is an optimization problem with regard to a large search space that is highly nonlinear and where the global optimum usually has a small radius of convergence. Tasks of similar complexity have been resolved in the past using genetic algorithms (GAs) [48, 60, 61]. A GA is a stochastic optimization process that mimics natural selection by borrowing concepts such as reproduction, crossover and mutation to have a population of solutions evolving towards a global optimum. Individual solutions interact according to well-defined probabilistic rules, often combining their strengths, to produce new solutions that either die off or proliferate to eventually form fitter and fitter populations. While this parallel investigative strategy is ideal to escape local optima and is known to reliably surround the area enclosing the desired solution, it usually lacks the fine-tuning ability to accurately pinpoint the global optimum. Therefore, combining a GA with a gradient descent method, whose purpose is precisely to comb a given region until a local optimum is reached, has the potential to produce even better results. The proposed technique, a hybrid GA (HGA), is based on this dual method.

This paper presents an algorithm intended to resolve difficult superimpositions that cause template-matching-based methods to fail. Performance is evaluated with two types of artificially synthesized EMG signals: 1) isolated superimpositions to focus on cases of destructive and constructive interference and 2) extended signals to quantify the improvement brought by adding the HGA to an existing decomposition program that uses exclusively template matching. The paper is organized as follows: in the Methods section, we describe the simulation protocol, present the nomenclature and explain the HGA steps; in the Results section, we show the HGA's performance with regard to both isolated superimpositions and extended signals; finally in the Discussion section, we analyze the HGA's advantages and drawbacks.

4.4 Methods

4.4.1 Simulation Protocol

Experimental recordings acquired at an 8 kHz sampling rate and using fine-wire electrodes during isometric/isotonic contractions of the biceps brachii were decomposed by our program [39]. Contraction levels ranged from 5 to 30 % of the maximum voluntary contraction (MVC). Recurring MUAP waveforms with similar characteristics were gathered to create a MUAP database (Fig. 4.1). The templates that would be used for decomposition were obtained by averaging the MUAPs contained in a set. In all, 12 MUAP sets were gathered and each set comprised 25 MUAPs for a total of 300. MUAPs within a given set were of identical length, but among sets duration ranged from 5 to 7 ms (40 to 56 samples). The average waveforms of each of the 12 MUAP sets used throughout this study are shown in (Fig. 4.2 (a)).

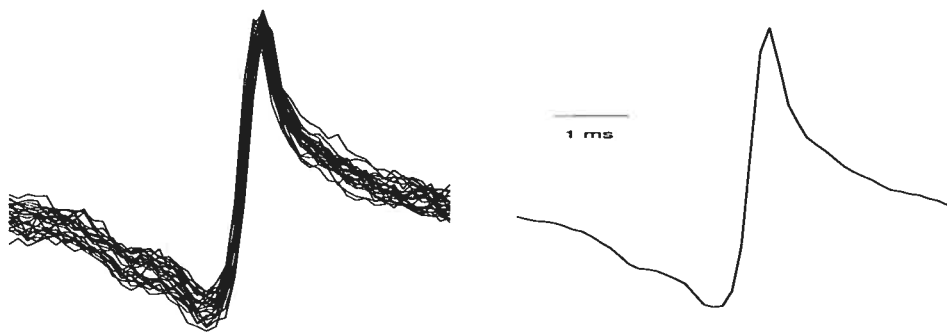


Figure 4.1: Left: MUAP set comprising 25 MUAPs obtained from real EMG recordings. Right: template used for decomposition representing the average waveform of the MUAP set.

Two types of synthesized EMG signals were used in this study: isolated superimpositions, 12.5 ms long (100 samples) segments, and extended signals, 10 s long (80000 samples) segments. Isolated superimpositions were made up of $m = 2$ to $m = 6$ MUAPs whose identity was kept unknown, as n templates were considered for resolution even if

only m MUAPs ($m \leq n$) were actually involved. The MUAP sets involved along with the templates to be considered were determined randomly: integers 1 through 12 were shuffled using a pseudo-random number generator (PRNG) and the first m integers drawn corresponded to the MUAP sets while the first n corresponded to the templates. Inside each set, the identity of the MUAP was determined by drawing a random number between 1 and 25. The times of occurrence for the m MUAPs selected were also determined using the PRNG: integers were drawn within a 3 ms range (24 samples), chosen so that the MUAPs would be comprised in the 100 sample long segments and the main peaks would appear near one another to increase the likelihood of creating complex interference. Experimental noise was added using data recorded at rest, where no MU activity was detectable, in the range of 15 to 20 dB. In total, 1500 superimpositions were tested: 100 for each of the $\sum_{n=2}^6 \sum_{m=2}^n 1 = 15$ possible combinations and 4 examples are shown in Fig. 4.2 (b).

Four extended signals were synthesized using the 300 MUAPs in our database. All 12 simulated MUs were concurrently active and had identical mean firing rates. Times of occurrence were determined by the PRNG such that the inter-discharge intervals (IDIs) would correspond to mean firing rates of 10, 15, 20 or 25 Hz, yielding mean aggregate densities of 120, 180, 240 and 300 MUAPs/s, respectively. For each given MU discharge, one MUAP was selected randomly out of the 25 in the set, meaning that some MUAPs could appear more often than others. The standard deviation (SD) for all firing rates was 10 % of the mean firing rate, *i.e.* 1.0, 1.5, 2.0 and 2.5 Hz. Once again, experimental noise was added in the range of 15 to 20 dB, values consistent with what can commonly be achieved with indwelling electrodes. The extended signals were of uncharacteristically high MUAP densities to increase the number of complex superimpositions that cause

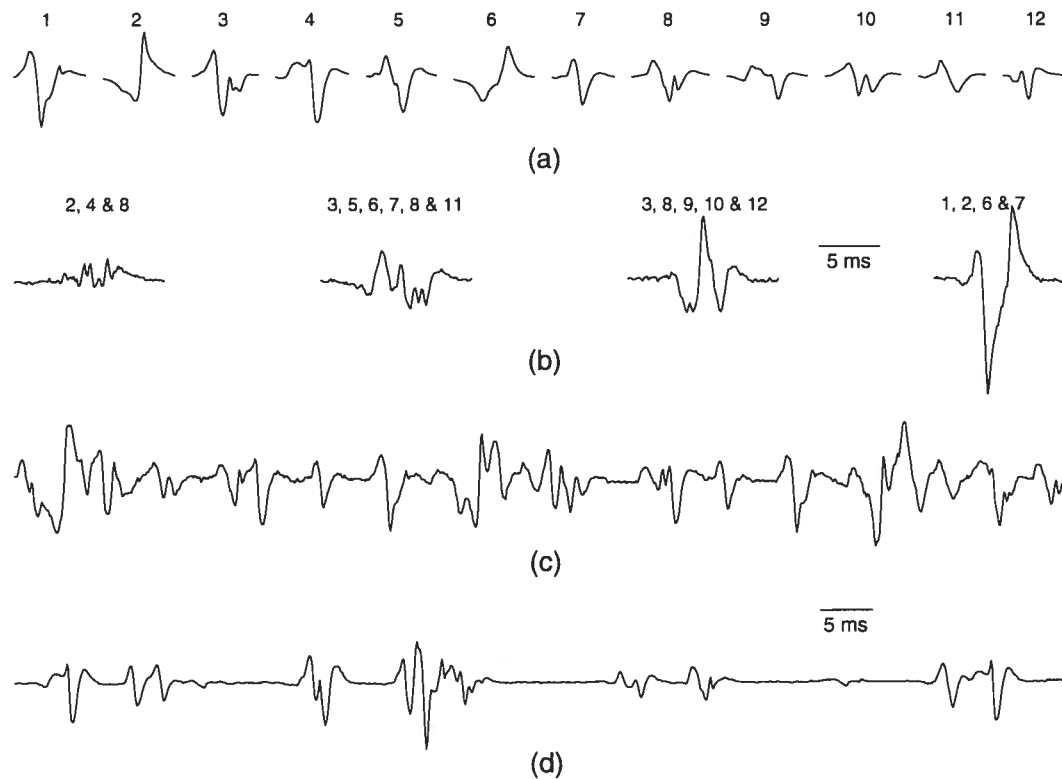


Figure 4.2: (a) The 12 templates used to resolve the MUAP superimpositions throughout this paper. (b) Four samples of isolated superimpositions with the identities of the involved templates indicated on top. (c) 100-ms portion of a synthesized extended signal where the aggregate number of MUAPs per second is 300. (d) 100 ms portion a real EMG signal where the aggregate number of MUAPs per second is about 160. Same amplitude scale for (a)–(d). Same time scales in (a)–(b), (c)–(d) (pairwise).

template-matching-based methods to fail and thus have the HGA intervene more often. A portion of the most difficult extended signal synthesized is shown in Fig. 4.2 (c) while a portion of a real signal whose density is approximately 160 MUAPs/s is shown in Fig. 4.2 (d) for comparison.

4.4.2 Nomenclature

To simplify the presentation, a notation similar to the one introduced by McGill [83] in the “unknown-identities” problem is used. Let the vector $\vec{x} \in \mathbb{R}^N$ of length N be the target superimposition of m MUAPs plus noise

$$\vec{x} = \sum_{i=1}^m \vec{v}_i^{t_i} + \vec{z} \quad (4.1)$$

where $\vec{v} \in \mathbb{R}^{N_i}$ is the i th MUAP of length $N_i \leq N$, $t_i \in \mathbb{R}$ its continuous time of occurrence in units of sampling intervals, the superscript denotes the time-delay operator and $\vec{z} \in \mathbb{R}^N$ is the noise. Now let the reconstructed waveform, $\vec{y} \in \mathbb{R}^N$, an approximation of target \vec{x} , be a superimposition of up to n templates

$$\vec{y} = \sum_{i=1}^n w_i \vec{s}_i^{d_i} \quad (4.2)$$

where $\vec{s} \in \mathbb{R}^{N_i}$ is the i th template, $w_i \in \mathbb{Z}_2 = (0, 1)$ is a weight function that indicates whether the i th template is involved or not and $d_i \in \mathbb{N}$ is its discrete time of occurrence in units of sampling intervals. To reduce the effect of time-quantization errors [85] and thus obtain a better approximation of the target \vec{x} , whose constituents \vec{v}_i , real MUAPs, have continuous times of occurrence, each template \vec{s}_i is oversampled by a factor c and then sampled back at the original rate, with different starting phases. This produces c slightly different copies of each template (see Fig. 4.3 (a)) and roughly represents a c -fold improvement of the resolution. The entire set of available templates is defined as $S = [\vec{s}_{11}, \dots, \vec{s}_{1c}, \vec{s}_{n1}, \dots, \vec{s}_{nc}]$, which can also be expressed in terms of its n subsets

of similar template copies $S = [S_1, \dots, S_n]$, with $S_i = [\vec{s}_{i1}, \dots, \vec{s}_{ic}]$. The reconstructed waveform \vec{y} can thus be written as:

$$\vec{y} = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^c w_{ij} \vec{s}_{ij}^{d_i}, \quad (4.3)$$

where for the set of weights $W = [w_{11}, \dots, w_{1c}, w_{n1}, \dots, w_{nc}]$, at most one copy per template subset can be considered, *i.e.* $w_{ib} = 1 \Rightarrow w_{ij} = 0 \forall j \neq b$.

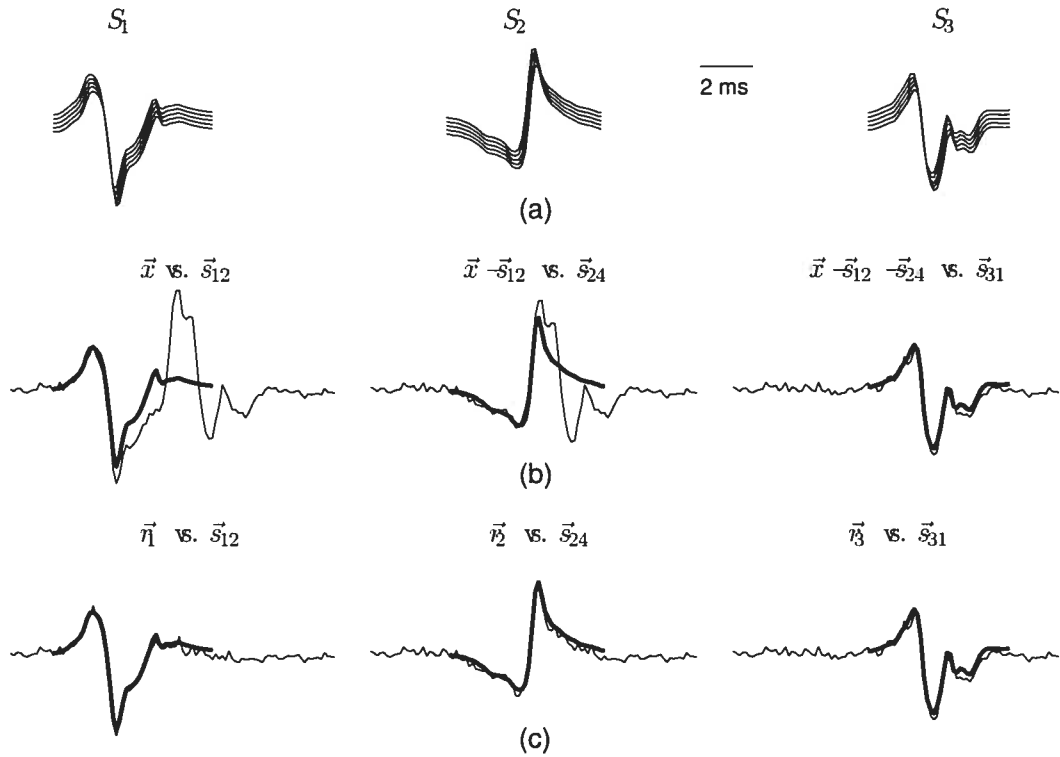


Figure 4.3: (a) Subsets $S_i = [\vec{s}_{i1}, \vec{s}_{i2}, \dots, \vec{s}_{i5}]$ used for template matching, each one being made up of 5 similar MUAP copies ($c=5$) shifted at sub-sampling intervals. (b) Typical peel-off sequence; overlaid are the templates \vec{s}_{ij} (bold) and the target \vec{x} (thin) from which recognizable MUAPs are iteratively removed. (c) Alignment evaluation procedure; the 3 instances of the remaining waveform \vec{r}_i (thin) compared with their corresponding template (bold) within S_i . Note that by definition $\vec{x} - \vec{s}_{12} - \vec{s}_{24}$ is equal to \vec{r}_3 .

For each target, candidate alignments are initially tried using the peel-off method, a sequential recognition strategy whereby the most-likely template is identified first and then peeled off from \vec{x} , often revealing another template, until no more of the remaining templates are identifiable. A detailed description of the sequential peel-off method used here can be found in [39]. Candidate alignments are then evaluated by comparing each individual template with the target \vec{x} from which the algebraic sum of all the other templates is subtracted. In other words, the i th remaining waveform \vec{r}_i that is compared to the c template copies of subset $S = [\vec{s}_{i1}, \dots, \vec{s}_{ic}]$ is obtained with the following equation:

$$\vec{r}_i = \vec{x} - \sum_{\substack{a=1 \\ a \neq i}}^n \sum_{j=1}^c w_{aj} \vec{s}_{aj}^{d_a}, \quad (4.4)$$

The measure used to evaluate the similarity among waveforms is a pseudo-correlation (PsC) [39]. The PsC between the j th copy of the i th template, \vec{s}_{ij} , and the corresponding portion of \vec{r}_i that starts from the discrete time of occurrence d_i and ends at $d_i + N_i$ is obtained by:

$$PsC_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^{N_i} s_{ij}^k r_i^{d_i+k} - |s_{ij}^k - r_i^{d_i+k}| \max \left[|s_{ij}^k|, |r_i^{d_i+k}| \right]}{\sum_{k=1}^{N_i} \left(\max \left[|s_{ij}^k|, |r_i^{d_i+k}| \right] \right)^2}. \quad (4.5)$$

Here, the superscript indexes the vector elements, *e.g.* s_{ij}^k is the k th element of \vec{s}_{ij} . PsC similarity figures are normalized such that the maximum attainable value is 1, which denotes a perfect match between two waveforms. Templates of subset S_i are pseudo-correlated with \vec{r}_i and are then moved to the lag of the copy yielding the highest PsC value. The same operation is carried out iteratively with templates of all n subsets until

this refinement process converges and no more shifting is required. Once the final alignment has been reached, template copies whose PsC value is greater than a predefined similarity threshold are permanently peeled off from \vec{x} . Otherwise, the failed alignments are stored in order to be used in the initialization procedure of the HGA. An example of the peel-off and the alignment evaluation procedure is given in Figs. 4.3 (b) and 4.3 (c), respectively.

4.4.3 HGA Description

The HGA runs through 5 steps: the *initialization* of the candidate alignments, the *evaluation* of their fitness, the *selection* of the most promising candidates, the *breeding* of these candidates to produce new populations for each epoch and the *termination* based on a convergence criterion to determine when the optimal alignment has been found.

i) Initialization. Candidate alignments are henceforth referred to as *chromosomes* and the time of occurrence d_i of the individual templates as *alleles*. The chromosomes that make up the initial population play perhaps the most crucial role in the HGA's success or failure to reach the optimal solution. If the search space is not adequately sampled, the HGA will likely converge towards a suboptimal solution. This is why a large initial population made of several hundreds of chromosomes is used. For a superimposition comprising an unknown number of MUAPs that can go from 2 to n , all $\sum_{i=2}^n \frac{n!}{i!(n-i)!}$ possible combinations are initially investigated. Superimpositions made of only one template are not considered, as it is assumed these trivial cases have been resolved previously. For each combination, 250 chromosomes are generated randomly using the PRNG, meaning that the initial population is made of at least $250 \times \sum_{i=2}^n \frac{n!}{i!(n-i)!}$ chromosomes. The random

population is completed by adding chromosomes corresponding to the failed candidate alignments obtained after the numerous resolution attempts through template matching. These failed candidate alignments will be referred to as deterministic chromosomes in the rest of this paper. Some deterministic chromosomes can constitute a good starting point, as their alleles are sometimes off by just a few samples with respect to the optimal solution. They can also be partly accurate, *i.e.* some alleles may be near the solution, despite the overall similarity between \bar{x} and \bar{y} being poor. Good alleles are valuable in the GA scheme since they usually propagate within the chromosome population, thus improving the likelihood of reaching the optimal solution. The number of deterministic chromosomes depends on the complexity of the superimposition and the number of available templates, but it is only a small fraction ($<0.1\%$) of the initial population. Although in GAs, chromosomes are traditionally encoded to become binary bit strings of 0s and 1s, they are stored here in a population matrix P with each row being a $1 \times n$ array of integers representing the d_i of each allele for non-zero values. Zero values imply that $w_{ij} = 0 \forall j$, *i.e.* the i th template is not considered in the candidate alignment (see Table 4.I).

		alleles					
		1	2	3	4	5	6
chromosomes	1	10	16	29	44	0	28
	2	0	23	12	0	29	36
	3	21	32	17	15	20	49

	100	0	45	26	0	33	0

Table 4.I: Parameter representation in the chromosome population matrix P . For each chromosome, alleles with non zero-values refer to the starting position of the corresponding template while '0' means that the given template is not considered in the candidate alignment.

ii) Fitness Evaluation. Once the initial population has been created, a figure of merit is needed to determine the fitness of each chromosome and help select which ones survive for breeding. The sequential evaluation depicted in Fig. 4.3 could be used once more, but would be time consuming given the large number of chromosomes at hand. To be efficient, a simpler fitness function is used to screen for promising chromosomes: the Manhattan distance, *i.e.* the sum of the absolute differences at each sample position between the target \vec{x} and the reconstructed waveform \vec{y} , normalized by the sum of the absolute values of \vec{x} . This can be written as:

$$e(D, W) \equiv \frac{\sum_{k=1}^N |x^k - y^k|}{\sum_{k=1}^N |x^k|}, \quad (4.6)$$

where $D = [d_1, d_2, \dots, d_n]$ is the set of discrete times of occurrence. The goal will be to find the optimal sets of discrete times D and weights W , with $\vec{y} = f(D, W)$ that minimize e . Therefore, fit chromosomes will be those for which the distance metric (cost) e is small.

As of the second generation, the fitness of each chromosome is improved by finding the local minimum in its vicinity by means of a gradient descent method. Different contiguous alignment combinations about the initial chromosome are tried, as each template is moved one sample left, one sample right or not at all, for a total of $3^n - 1$ new alignments. Gradient descent investigates each alignment and iteratively moves to the one with the lowest cost until a local minimum of e is reached. Although relatively inexpensive to compute, the fitness function is liable to spurious MUAP findings in coincidental situations since it only considers the whole waveform, while disregarding the contribu-

tion of its individual constituents to the alignment error. Therefore, after completion of gradient descent, chromosomes whose cost is lower than 0.5 are investigated more thoroughly using equations 4.4 and 4.5. This threshold, a rather conservative value, was chosen heuristically, as it was observed that most chromosomes whose cost was greater than 0.5 were far from the optimal solution. If at any point the PsC values of all of a chromosome's individual templates are greater than the similarity threshold in force, it is assumed that the optimal alignment has been reached. The search is then aborted and the templates are permanently peeled off from the signal. Otherwise, the HGA goes on as planned until the termination criterion is met.

iii) Selection. A total of 2^n chromosomes are selected to breed a new population. This number was chosen because the sum of all template combinations, $\sum_{i=2}^n \frac{n!}{i!(n-i)!}$, is equal to $2^n - n - 1$ and thus selecting 2^n chromosomes ensures that all possible combinations are investigated at least once in the initial population. In order to maintain adequate diversity from one epoch to the next, preference is given to chromosomes that stem from different template combinations, even if their associated cost is high. For each combination represented, the fittest chromosome is selected and the rest of the 2^n chromosome population is completed by the fittest chromosomes remaining, regardless of which combination they represent.

iv) Breeding. The 2^n chromosomes that remain following natural selection are duplicated and separated into two groups of 2^n mothers and 2^n fathers, for a total of 2^{n+1} individuals. Chromosomes of each group are paired randomly, with each couple producing two offspring that will share many of their parents' traits. The breeding scheme used here is the one-point crossover technique described in [56] for real number representation (as

opposed to bit strings): the offspring are made of alleles that are simply swapped from the mother and father, with the exception of one allele, the crossover point, that will hold a new value generated from the linear combination of both parents. For example, let us assume that mother $G = [g_1, \dots, g_6]$ and father $F = [f_1, \dots, f_6]$ are chromosomes 1 and 2 of the population matrix in Table 4.I, and that the crossover point, determined randomly, falls on allele #3. Then the two offspring are:

$$O_1 = [g_1, g_2, 0.5 \times (g_3 + f_3), f_4, f_5, f_6] = [10, 16, 21, 0, 29, 36]$$

$$O_2 = [f_1, f_2, 0.5 \times (g_3 + f_3), g_4, g_5, g_6] = [0, 23, 21, 44, 0, 28]$$

Fig. 4.4 illustrates this example with each allele representing the starting position of templates #1-6 from Fig. 4.2 (a). The top panel refers to the parents while the bottom panel refers to the offspring, of which O_1 is now within reach of the optimal solution. The creation of the new allele, whose value is always rounded up to the nearest integer, only takes place if the crossover point is a non-zero value for both parents. Otherwise, the allele is set to 0 in the offspring. Once breeding is completed, the offspring replace the parents, thus forming a new population of chromosomes that is different from the previous generation.

More diversity is infused into the population by means of mutation, whereby a small number of alleles are selected randomly out of the entire allele pool and assigned new random values using the PRNG. Here 2% of the alleles in the population matrix P are mutated, half of which are set to 0, meaning that the corresponding templates will no longer be considered in the given candidate alignment. Taking for example a population matrix made of 100 chromosomes, 12 alleles ($100 \times 6 \times 0.02$) would be selected: 6

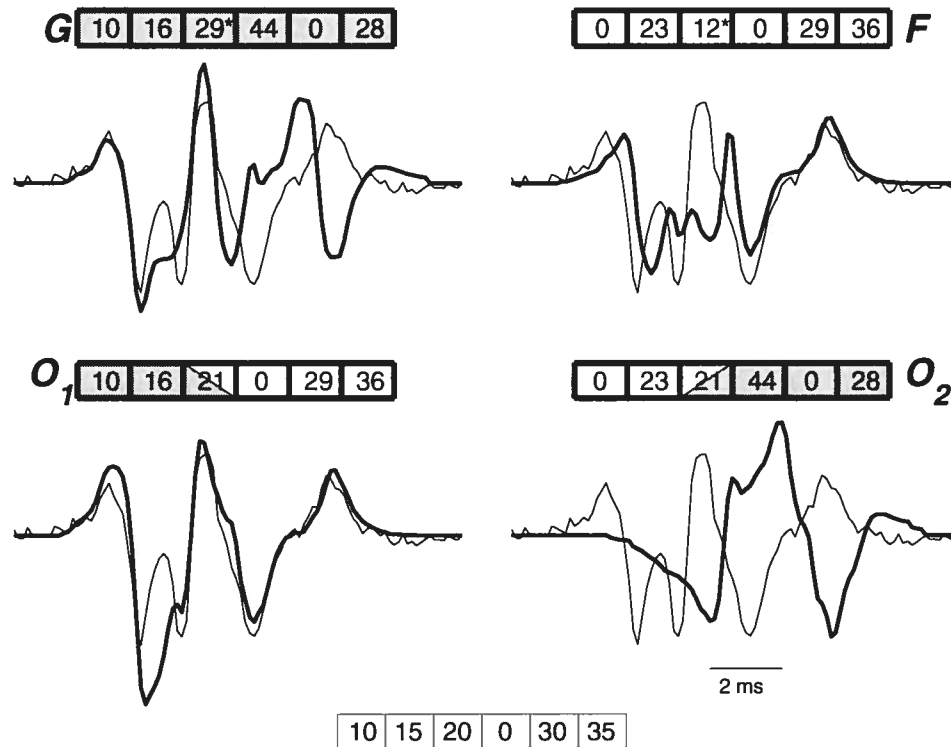


Figure 4.4: Crossover procedure with MUAPs #1-6 from Fig. 4.2 (a). Top: target \vec{x} (thin) overlaid with reconstructed waveforms \vec{y} (bold) of the mother (G , gray boxes) and father (F , white boxes) chromosomes. Asterisks ('*') refer to the crossover point, allele #3. Bottom: target \vec{x} (thin) overlaid with \vec{y} (bold) corresponding to the two offspring, O_1 and O_2 . These chromosomes, holding traits of both parents, are represented by gray and white boxes while the bicolored box refers to the new value obtained from a linear combination of mother and father at allele #3. The optimal alignment is shown in the thin boxes.

would be assigned random values within the search space while the other 6 would be set to 0. Despite the precautions adopted to maintain diversity in the chromosome population, a drawback of population replacement and mutation is that promising chromosomes are abandoned, wasting perhaps rare pathways towards the global minimum. As a trade-off between exploration vs. exploitation [60], the weakest offspring are replaced by the fittest parent of the previous generation if none of the offspring has a lower cost. This common strategy, known as “elitism” [48], guarantees a monotonous decrease of the

minimal cost with each epoch, unlike the mean population cost, which has a decreasing tendency but usually exhibits a more irregular behavior [56].

v) Termination. Since it is not always possible to find chromosomes for which the similarity of all involved templates, as determined with equations 4.4 and 4.5, is greater than the PsC threshold in force, thus causing the search to abort, a second termination criterion is needed. Here the HGA stops when the fittest chromosome in our elitist strategy is the same for 5 consecutive generations.

4.5 Results

4.5.1 Isolated Superimpositions

The identification (ID) rates obtained following the resolution of isolated superimpositions, each one tested 100 times given the random nature of GAs, are shown in Table 4.II. Pseudo-correlation was the decisive similarity measure to define accuracy and IDs were only made when the PsC was greater than 0.5. Mean ID rates ranged from 99.9 % for waveforms made of 2 MUAPs and investigated with 2 templates ($m = 2, n = 2$) and decreased almost steadily with each additional MUAP or template considered, down to 89.9 %, corresponding to the most complex cases of waveforms made of 6 MUAPs ($m = 6, n = 6$). ID rates were computed on an individual basis: a positive ID was counted for each MUAP if the template used to approximate it was accurate, *i.e.* to MUAP \vec{v}_i corresponded a template copy of subset S_i and not any other, and if the estimated time of occurrence (d_i) was within one sample of the real time (t_i). Identifications outside this range were considered as false assignments (FA), which led to the ID rates being adjusted down such that the sum of ID, FA and missed assignment (MA) rates would add

up to 100 %. For example, if for a given superimposition involving 6 MUAPs, 4 were positively identified, 1 wrongly assigned to a template and 2 missed, the ID rate was $(4 - 1) \div 6 = 50 \%$. Of the identification errors, MAs usually outnumbered FAs by a ratio $> 2 : 1$ and FA rates never exceeded 3 %. As for the processing time, the averages ranged from a few hundredths of a second to 5.0 s, although difficult superimpositions could require up to 12 s to be resolved. The processing time was kept relatively low (< 0.5 s) for up to $m = 4, n = 4$ but increased noticeably with each additional MUAP and/or template.

		# templates (n)				
		2	3	4	5	6
# MUAPs (m)	2	99.9 ± 0.1 ($< 0.1 \pm 0.0$)	99.9 ± 0.5 ($< 0.1 \pm 0.0$)	99.7 ± 1.2 (0.1 ± 0.1)	99.9 ± 0.1 (0.4 ± 0.2)	97.1 ± 5.2 (1.1 ± 0.8)
	3	x	99.6 ± 3.3 (0.1 ± 0.1)	99.9 ± 0.2 (0.2 ± 0.1)	99.7 ± 0.4 (0.8 ± 0.4)	98.8 ± 1.0 (2.2 ± 1.5)
	4	x	x	98.7 ± 3.1 (0.3 ± 0.1)	98.5 ± 5.0 (1.0 ± 0.4)	98.5 ± 3.4 (3.4 ± 1.6)
	5	x	x	x	94.0 ± 12.0 (1.2 ± 0.5)	95.7 ± 5.8 (4.4 ± 1.8)
	6	x	x	x	x	89.9 ± 10.8 (5.0 ± 2.2)

Table 4.II: Results from the resolution of isolated superimpositions made up of an unknown number of MUAPs. 100 superimpositions were generated for each case involving m out of n templates ($m \leq n, n = 2 \dots 6$). Listed are the mean \pm SD of the identification rates (in bold) and the processing time per MUAP superimposition in seconds (in parentheses). Tests were conducted using a 3.4 GHz Pentium IV processor.

The improvement brought by choosing PsC over the Manhattan distance as our decisive figure of merit as well as by adding gradient descent was assessed by testing modified versions of the HGA. A simple GA that was not combined with the gradient descent method and that did not make use of the PsC similarity measure to further evaluate chromosome fitness required a shorter processing time, as convergence was always reached

within a maximum of 0.7 s even for the most difficult superimpositions. However, not benefiting from the added specificity and fine-tuning capabilities, that particular GA had poorer ID rates and a greater variance, the latter exposing the unreliability of an entirely random process. For the simplest case of $m = 2$, $n = 2$, the drop was not significant ($< 10\%$), but it soon became unacceptable as complexity increased. For example, already at $m = 3$, $n = 3$, the ID rate dropped to $53.1 \pm 24.7\%$ while at $m = 6$, $n = 6$, it went down to $14.2 \pm 16.2\%$. By just adding the PsC similarity measure, the same ID rates improved to $70.1 \pm 22.8\%$ and $28.1 \pm 22.0\%$, respectively, with no significant bearing on the processing time, which was usually kept under 1 s. Adding gradient descent alone had the most marked influence on the final results, with ID rates for the same two cases improving to $97.0 \pm 7.7\%$ and $64.1 \pm 20.5\%$, respectively. However, gradient descent was responsible of the dramatic increase witnessed in the processing time and accounted for more than 80% of the total computational effort.

4.5.2 Extended Signals

The overall results obtained with extended signals are summarized in Table 4.III, where numbers in bold are the average over 10 runs of the decomposition using the HGA and those in parentheses refer to one run of a HGA-less decomposition. The PsC thresholds to be met were set to [0.8, 0.7, 0.6, 0.5, 0.4], as 5 successive passes with gradually decreasing similarity requirements were carried out to facilitate the matching of distorted MUAPs. Without the HGA, ID rates were satisfactory, steadily declining from 96.4% at 120 MUAPs/s to 77.8% at 300 MUAPs/s. Processing time was relatively short, with signals of densities up to 240 MUAPs/s requiring less than their actual duration to be decomposed. Adding the HGA improved the ID rate for all 4 extended signals. The

accuracy improvement (+2.1, +3.8, +6.1 and +8.2 %) became more significant with increasing MUAP density, where a larger number of overlapping potentials could not be resolved using template matching. Overall ID rates remained relatively constant between runs, as evidenced by the low variance, thus showing the robustness of the technique. However, the execution speed was brought down considerably, as the addition of the HGA could lead to almost a 50-fold increase of the processing time at high MUAP densities.

# MUAPs / s	ID (%)	FA (%)	MA (%)	t (s)
120	98.5 ± 0.2 (96.4)	0.1 ± 0.0 (0.1)	1.4 ± 0.2 (3.5)	8.8 ± 0.9 (2.2)
180	97.5 ± 0.2 (93.7)	0.4 ± 0.1 (0.4)	2.2 ± 0.1 (5.9)	150.6 ± 13.5 (4.3)
240	91.8 ± 0.2 (85.7)	1.8 ± 0.1 (1.8)	6.5 ± 0.2 (12.5)	176.8 ± 10.0 (7.1)
300	86.0 ± 0.2 (77.8)	2.2 ± 0.1 (2.5)	11.8 ± 0.2 (19.7)	515.3 ± 24.8 (11.3)

Table 4.III: Classification rates obtained on 4 extended signals. Listed in bold are the mean \pm SD of the identification (ID), false assignment (FA) and missed assignment (MA) rates as well as the processing time (t) in seconds for the 10 runs per extended signal carried out with the addition of the HGA. Results in parentheses were obtained without adding the HGA.

4.6 Discussion

The HGA described in this paper has been shown to resolve superimpositions involving up to 6 MUAPs with a high degree of confidence. The ID rates presented in Table 4.II are similar to those obtained by McGill, where results are listed up to the case $m = 3$, $n = 4$ for the unknown identities problem [83]. The HGA can be used for an arbitrary number of MUAPs, but the performance becomes unsatisfactory when more than 6 MUAPs are

involved. For $m = 7, n = 7$ and $m = 8, n = 8$ (not shown in Table 4.II), the ID rates were $67.0 \pm 32.3 \%$ and $36.4 \pm 30.2 \%$, respectively, while the mean processing time was 20.4 ± 9.1 s and 91.2 ± 36.0 s. The technique's most attractive feature is its ease of implementation: a GA merely consists in generating random numbers, swapping columns and performing basic arithmetic operations, while gradient descent is simply a series of exhaustive searches conducted within the vicinity of a given solution. Interestingly, neither optimization scheme worked well on its own. The multimodal cost surface was too complex for the gradient descent method, which mostly found suboptimal solutions. On the other hand, with ID rates less than 15 % obtained in the most difficult superimpositions, a GA without gradient descent seemed ill-suited to deal with the resolution problem. It is only by combining both methods that a thorough investigation of the search space could be achieved without constantly falling prey to local minima and resulted in high ID rates for most of the superimpositions. The strength of the GA approach resides in its ability to exploit the potential of all the searches conducted in parallel and recombine highly fit allele strings, or *schemata* [48], to eventually produce fitter chromosomes. Indeed, these valuable building blocks have a tendency to propagate in the chromosome population over the course of the evolution process, thus increasing the likelihood of having fortuitous crossovers that will lead to the optimal solution.

The main drawback of the method is the processing time required to resolve superimpositions. This situation is largely imputable to the gradient descent module, which has been found to be a successful way to ensure that the best possible alignment would be obtained on a consistent basis. Yet, when considering the large number of admissible candidate alignments, the processing time was a small fraction of the time that would have been needed to exhaustively comb the entire search space. For superimpo-

sitions involving 6 MUAPs, each having a domain comprising about 50 points ($N - N_i$) and with a template oversampling factor $c=5$, the search space would be made up of $\sum_{i=2}^6 \frac{6!}{i!(6-i)!} \times (50 \times 5)^i \approx 2.5 \times 10^{14}$ candidates. Using equations 4.4 and 4.5 to evaluate alignments and assuming each evaluation takes $1 \mu\text{s}$, an exhaustive search would still require some 69 hours to be completed. Here, superimpositions involving 6 MUAPs required an average of 5 s and never exceeded 12 s.

In order to keep the processing time reasonably low, redundant calculations were avoided by using look-up tables to directly assign the cost of chromosomes that had already been evaluated. The most appreciable time reduction was attained when relaxing our convergence requirements so that the termination criterion could be met more quickly. Here, the search stopped at the latest when the best chromosome was the same for 5 consecutive generations, which is premature by GA standards. However, the results obtained suggest it was adequate to find an optimal alignment on most occasions. Enforcing a more stringent termination criterion, such as requiring that all chromosomes be clustered in a small region of the search space, led to some superimpositions needing several minutes to be resolved, with no significant improvement of the ID rates. To further reduce the processing time, we also tried to limit the use of gradient descent to low-cost chromosomes ($e < 0.25$), but this measure resulted in unacceptable drops in the ID rates. The need for gradient descent refinement is the consequence of our figures of merit being too sensitive to slight MUAP time shifts. In spite of the fact that the PsC of individual templates and, to a lesser extent, the Manhattan distance between waveforms \vec{x} and \vec{y} are reliable means to determine if a candidate alignment is on the optimal solution, both are poor indicators of whether or not a candidate alignment is around it. Chromosomes could have a high cost while being in the immediate vicinity of the optimal solution,

but they would sometimes be discarded in the natural selection process in favor of less promising chromosomes that had a lower cost (Fig. 4.5).

The decomposition program was tested using extended signals of unusually high MUAP densities in order to generate more complex superimpositions that would require the use of the HGA. However, we have yet to test our algorithm with real EMG signals of similar complexity. High MUAP densities usually stem from strong contraction levels whereby electrode slippage might come into play, which could result in MUAP shape changes that our algorithm does not take into account. In addition, despite being synthesized using real MUAPs and experimental noise, simulated signals in general do not present the same challenges as real signals do [81]. It is therefore difficult to speculate as to how the algorithm would fare with real signals of such high densities, but we would expect it to perform well as long as MUAPs do not exhibit significant shape variability. When considering real signals of more common MUAP densities (<120 MUAPs/s), such as the ones available for benchmarking on the Stanford EMG signals website (<http://emglab.stanford.edu>) and for which expert annotations are provided, our algorithm typically achieves ID rates above 90%. The overall ID rates obtained in this study for extended signals are on a par with results reported by Fang et al. [34], Gut and Moschytz [52] and Rasheed et al. [106], who all tested their decomposition algorithms with single-channel simulated signals whose density never exceeded 130 MUAPs/s. However, comparisons between algorithms would be more revealing if standardized methods were used [36]. The improvement brought by the HGA, although small at first sight, can be considered satisfactory given the fact that only a small fraction of superimpositions cannot be resolved by our template-matching-based schemes.

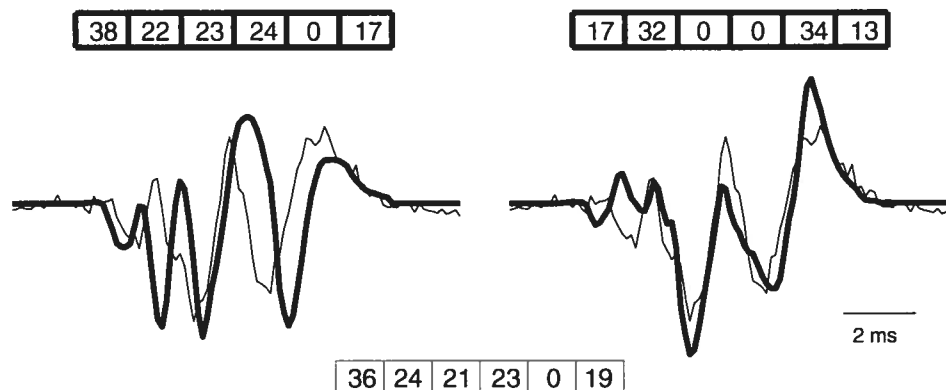


Figure 4.5: Illustration of the vulnerability of the fitness function to slight time shifts with MUAPs #5, 6, 7, 9, 11 and 12 from Fig. 4.2 (a). The starting positions (t_i) of the MUAPs composing target \vec{x} (thin) are shown at the bottom in thin boxes while the starting positions (d_i) of the templates in the reconstructed waveform \vec{y} (bold) are shown on top in bold boxes. Despite being close to the optimal solution ($|d_i - t_i| \leq 2 \forall i$) the chromosome to the left has a much higher cost than the one to the right ($e=1.18$ vs. $e=0.63$) and would likely be discarded in the natural selection process without using a gradient descent.

In conclusion, a technique capable of resolving difficult superimpositions, namely destructive and constructive interference, has been developed. This technique uses a genetic algorithm to which a gradient descent method was appended. While gradient descent gets trapped in the many local minima of the cost surface and a GA often does not converge towards the desired solution on its own, a dual optimization scheme proves to be highly profitable, as an optimal alignment can be found regularly. For isolated superimpositions, more than 90 % of the MUAPs were positively identified while overall ID rates for 10-s-long simulated extended EMG signals were greater than 85 %, with the HGA accounting for up to 8 % of the identifications. The main drawback of the technique is the increase of the processing time brought up by the gradient descent module, but the whole approach provides a robust way to ensure difficult superimpositions are resolved accurately on a consistent basis.

CHAPITRE 5

ARTICLE III – DÉCOMPOSITION DE SIGNAUX EMG MULTI-CANAU

5.1 Situation de l'article dans la thèse

Ce troisième et dernier article traite de la décomposition de signaux EMG acquis en configuration multi-canaux. Cet article répond à l'objectif spécifique ayant trait à la robustesse attendue d'un bon système d'analyse de signaux EMG captés avec des électrodes intramusculaires. À partir d'un système unique, il est maintenant possible de décomposer avec fiabilité une vaste gamme de signaux EMG, indifféremment du nombre de canaux qu'ils contiennent. D'après la littérature, c'est la première fois qu'un système de décomposition démontre une telle versatilité. Cet article rejoint également l'objectif de performance puisque les différentes perspectives offertes par l'analyse de plusieurs canaux facilitent souvent l'identification de PAUMs. Si le nombre de canaux traités par le système peut être arbitrairement élevé, il doit en pratique être limité si l'on veut également satisfaire l'objectif spécifique ayant trait à la vitesse d'exécution. On utilise ici les mêmes algorithmes que ceux utilisés pour la décomposition (chapitre 3) et pour la résolution de superpositions (chapitre 4). C'est pourquoi on va se concentrer ici sur les problèmes entourant la gestion de plusieurs canaux en simultané. Le défi le plus important est le phénomène de vacillement (*jitter*) qui se manifeste entre PAUMs issus d'une même UM mais provenant de canaux différents. D'après la littérature, aucun autre système n'aborde explicitement ce problème pour des signaux acquis à l'aide d'électrodes distantes de quelques centimètres, alors que le vacillement est important.

Automatic Decomposition of Multi-Channel Intramuscular EMG Signals

J.R. Florestal¹, P.A. Mathieu¹, K.C. McGill²

¹Institut de génie biomédical (dépt. de physiologie), Université de Montréal, Canada

²Rehabilitation R&D Center, VA Palo Alto Health Care System, USA

Pierre A. Mathieu
Institut de génie biomédical
Université de Montréal
Pav. Paul G. Desmarais
2960 Chemin de la tour, local 2513
Montréal (Qc), H3T 1J4, Canada

Tel.: (514) 343-6369

Fax: (514) 343-6112

Acknowledgements: The authors gratefully thank Lisa Johanson for performing the EMG recordings and Zoia Lateva for performing the manual decompositions. This work was supported by funding from NSERC (156144-04) (PAM), by the Rehabilitation R&D Service of the US Department of Veterans Affairs (KM) and by the US National Institutes of Health (R01AR049842) (KM).

Accepted pour publication dans: *Journal of Electromyography and Kinesiology*
(avril 2007)

5.2 Abstract

We describe an automatic algorithm for decomposing multi-channel EMG signals into their component motor unit action potential (MUAP) trains, including signals from widely separated recording sites in which MUAPs exhibit appreciable inter-channel offset and jitter. The algorithm has two phases. In the clustering phase, the distinct, recurring MUAPs in each channel are identified, the ones that correspond to the same motor units are determined by their temporal relationships, and multi-channel templates are computed. In the identification stage, the MUAP discharges in the signal are identified using matched filtering and superimposition resolution techniques. The algorithm looks for the MUAPs with the largest single-channel components first, using matches in one channel to guide the search in other channels, and using information from the other channels to confirm or refute each identification. For validation, the algorithm was used to decompose ten real 6-to-8-channel EMG signals containing activity from up to 25 motor units. Comparison with expert manual decomposition showed that the algorithm identified more than 75 % of the total 176 MUAP trains with an accuracy greater than 95 %. The algorithm is fast, robust, and shows promise to be accurate enough to be a useful tool for decomposing multi-channel signals. It is freely available at <http://emglab.stanford.edu>.

Index terms: EMG, decomposition, motor unit action potential, multi-channel.

5.3 Introduction

Intramuscular electromyographic (EMG) recordings obtained from indwelling electrodes (needle or fine wire) allow monitoring the electrical activity of the underlying motor units (MUs), each MU consisting of a motoneuron and the set of skeletal muscle fibers it innervates [78]. Over the course of a sustained contraction, MUs fire repetitively and each discharge can be seen in the EMG signal as a distinct waveform called a motor unit action potential (MUAP). The sizes and shapes of the MUAPs can provide information about neuromuscular function and help diagnose disorders [11]. In non-pathological cases, as long as the geometrical relationship between the recording site and the MUs remains constant, MUAPs have distinct, repeatable shapes that can be identified using pattern recognition techniques.

Accounting for every MU discharge in an EMG signal, a task commonly known as decomposition, is a complex undertaking that entails challenges. Among others, there are the difficulties associated with resolving waveforms produced by the superimposition of several MUAPs and with tracking MUAPs that have poor signal-to-noise ratio (SNR). For these reasons, some investigators limit themselves to weak contractions where superimpositions are not frequent since only a few MUs (≤ 6) are present [15]. Others choose not to strive for full decomposition, or even discard low-SNR MUAPs altogether [132], their rationale being that physiological parameters such as the mean firing rate can be estimated from incomplete discharge patterns [122]. While full decomposition is indeed not required in every application [117], it is highly relevant in studies of MU coordination [2, 4, 22], short-term synchronization [16, 98], muscle architecture [73] and discharge irregularities [75]. Full decomposition methods often rely on manual editing to achieve high accuracy. The development of new algorithms that are both automatic

and highly accurate would take the burden off human operators who perform this tedious task.

To enhance decomposition accuracy, one can record multi-channel signals from multiple sites in the muscle. The sites can be separated by only a few muscle-fiber diameters, such as the lead-off surfaces of the quadrifilar needle electrode [24], or by centimeters [87]. In either case, the multiple channels provide multiple views of the MU discharges, making decomposition more reliable, since MUAPs or MUAP trains that are difficult to identify in one channel can often be identified more easily in another. However, multi-channel signals from widely separated sites can present challenges that are not present in signals from nearby sites. The measured time of occurrence of a MU discharge can differ by several milliseconds at widely separated recording sites due to conduction delay, and the delay itself can exhibit a jitter of a fraction of a millisecond from discharge to discharge because of fluctuations in muscle-fiber conduction velocity [87, 115].

The best-known multi-channel system for intramuscular recordings is the Precision Decomposition (PD) method developed at Boston University's NeuroMuscular Research Center. It is specifically designed to analyze multi-channel signals recorded by custom quadrifilar needle or fine wire electrodes [20, 24]. By employing multiple closely spaced recording surfaces, these electrodes are able to provide a broader and more insightful scope of MU activity with about the same degree of invasiveness as conventional indwelling electrodes. The original version of the system, dubbed PDI, could automatically decompose up to 8 MUs in three-channel signals with an accuracy of 70 %, but greater accuracy required time-consuming manual editing [24]. Over the years, that system has undergone substantial changes and the more recent PDII version uses an

artificial-intelligence knowledge-based framework called IPUS [19, 96] to achieve accuracy rates ranging from 90 % to above 95 % [94]. EMG-LODEC [134] is another multi-channel system designed to decompose long EMG recordings of several minutes in which MUAP shapes change gradually because of slight electrode and/or muscle movements. Using real 3-channel recordings for the validation of their algorithm, the authors report a median accuracy rate of 70.6 % in the presence of 2 to 10 MUs.

In this paper, we describe a novel program aimed at decomposing multi-channel intramuscular recordings of relatively short duration (~ 20 s). The program is simple, robust, relatively fast and fully automatic. Thus far, it has been tested with 2 to 8 channels but it supports an arbitrary number of channels. For a series of signals containing up to 25 active MUs from the brachioradialis muscle, the program was able to identify more than 75 % of the MUAP trains with an accuracy >95 %. The program is written in Matlab (The Mathworks, Natick, MA) and is freely available as part of the EMGLab package [87] at <http://emglab.stanford.edu>.

5.4 Methods

The decomposition is divided into two major steps: 1) *clustering*, the purpose of which is to determine the MUAP shapes for each MU in every channel and 2) *identification*, the purpose of which is to locate the discharges in each MUAP train.

5.4.1 MUAP Clustering

During this clustering phase, the channels are first analyzed separately. Each single-channel signal is broken down into non-overlapping segments of activity that exceed the

baseline noise. These segments are called active segments [52] and are suspected to contain MU activity. The active segments from each channel are then clustered using a symbolic representation paradigm in which each active segment is reduced to its extrema that exceed the noise level. This leads to feature vectors holding 3 features: 1) the phase sequence of the extrema, whereby peaks are labeled '2' and troughs '1', 2) the magnitude sequence of the extrema, whereby each extremum is an integer value comprised between 1 and 9, and 3) the relative time lag sequence between consecutive extrema, each time lag also being single-digit integer. This algorithm, described in detail in [39], allows for a fast and robust clustering of active segments sharing similar characteristics. Clusters holding fewer than the equivalent of one active segment per second of signal are rejected, as they often hold uncharacteristic waveforms that stem from superimpositions. This leaves only the larger clusters that contain probable MUAPs. When the clustering is accurate, there will be exactly one cluster for each MU detected in each channel. Different channels may have a different number of clusters if not every MU was detected in every channel.

Once the active segments from all the channels have been processed, the clusters that correspond to the same MU are identified. This is done by checking the times of occurrence of the active segments for time-locking, *i.e.* for a constant temporal offset. When the active segments in two or more clusters are consistently time-locked, there is a strong indication that they correspond to the same MU. Since MU discharges are asynchronous, even a small number of constant offsets is usually enough to determine that clusters are time-locked. Clusters determined to be time-locked are merged to produce a single set of putative discharge times for each MU, whether it was detected in one or more channels.

Next, multi-channel MUAP templates are computed for each MU by averaging the signal segments centered on the putative discharge times. A 100-ms window is used in order to accommodate the full duration of the MUAPs. This includes large polyphasic MUAPs and late components which can occur both in pathologic and normal muscle. Median averaging is used to reduce the noise caused by interference from overlapping MUAPs. The set of templates for each MU is then trimmed to keep only the interval from the first until the last time that the activity in any channel exceeds the baseline noise. The length of the templates thus reflects the conduction delay between the recording sites. All the templates corresponding to the same MU have the same length, but templates from different MUs can have different lengths.

These ideas are illustrated in Fig. 5.1, which shows a multi-channel MUAP template from a 7-channel signal from the brachioradialis muscle (see the Experimental Validation section for methodological details). The signal segments used for averaging are shown on the top panel, and the templates themselves on the bottom panel. The template length is delimited by the initial activity in c7 and the final activity in c5, in this case corresponding to a conduction delay of about 17 ms. As this example shows, a MUAP can have a high SNR in some channels, but a low one in others. In this figure, the MUAP in c2 could not be detected directly, but its component was revealed by the averaging.

5.4.2 MUAP Identification

The second decomposition phase is divided into three steps: i) identifying interference-free MUAPs that do not overlap with other MUAPs, ii) resolving superimpositions and iii) fixing inconsistent discharges.

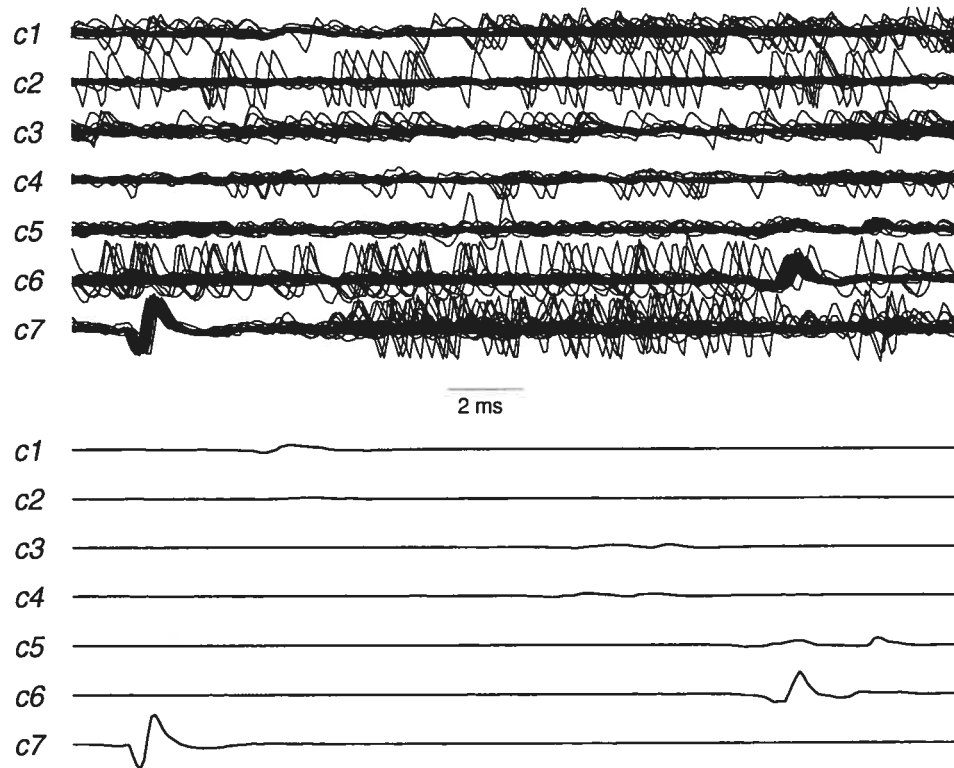


Figure 5.1: Multi-channel motor unit potential template set for a 7-channel recording (c1–c7) obtained from the brachioradialis muscle. Depicted overlaid in each row are the active segments (top) that were used to generate the templates (bottom) through median averaging.

i) Interference-free MUAPs are found using a common matched filter technique. This involves cross-correlating single-channel templates with their corresponding single-channel signals to locate matches that indicate likely MUAP occurrences [39]. Template matching is performed in order of single-channel template size (across all channels). The matching scheme consists of a series of iterative passes through the signal with a steadily decreasing similarity threshold. Depending on the iteration, the threshold can range from 80 % down to 30 % when using pseudo-correlation as a similarity measure [39]. When a match is found, the alignment of the template is refined to sub-sampling-interval precision using interpolation in order to minimize time quantization errors [85].

The template is then peeled off from the signal and the discharge time is stored. The other channels are then checked for a discharge of this same MU at this same time. Note that the inter-channel offset is accounted for by the registration of the templates in the different channels. To accommodate possible inter-channel jitter, the search area is expanded by 0.5 ms on each side. If the MUAP of the MU in question is found in another channel, then it is peeled off in that channel. If the MUAP cannot be precisely identified in a channel, a flag is raised to indicate that the MUAP is expected at that time but the template is not peeled off. This prevents misalignment errors and possible false positives from causing identification errors later on. The cross-correlation and peeling continue until all the single-channel templates have been processed.

ii) At this point, most of the MUAPs that have not yet been identified are involved in unresolved superimpositions. The residual signals are segmented, and an attempt is made to resolve each active segment. A simple matching technique is tried first, in which single-channel templates are divided in two parts, a front end and a rear end. This technique is able to efficiently resolve most partial superimpositions [39]. For more complex cases where destructive or constructive interference is involved, another technique based on the genetic algorithm (GA) is used. A GA is an optimization scheme that is efficient to find the absolute optimum of an objective function when the search space is large and highly non-linear, as is the case in the superimposition resolution problem. The algorithm is described in detail in [40]. Whenever a superimposition is resolved, the templates are peeled off, the discharge times are stored, and the same discharge times are investigated in the other channels. As in the first identification step, if a match is found in the other channels, then the corresponding single-channel templates are peeled

off, otherwise flags are raised. This procedure is carried out until none of the remaining superimpositions can be resolved.

iii) The final step is to process any remaining flags. At this stage, flags indicate either that false positives were made in one channel and not corroborated in other channels, or that true discharges were identified in some channels but not others, either because of poor SNR, MUAP variability, or superimposition. If a particular discharge was positively identified in two or more channels, then it is considered to be genuine, since it is unlikely that the same MU discharge would be independently misidentified in two different channels. In this case the flags in the other channels are converted to discharge times. If a discharge was positively identified in only one channel, then an attempt is made to peel off its templates in the other channels. If the peel-off results in an increase in the energy of the residual signal in any channel, then the discharge is considered to be a false positive and is deleted. If all the peel-offs result in a decrease in energy, then the discharge is accepted. At the end of this final stage of processing, every discharge will have a discharge time listed in every channel. Note that the times added in this final step, since they are not based on precise template matches, may not accurately reflect the intra-channel jitter.

5.4.3 Experimental Validation

We estimated the accuracy of the program by using it to analyze several multi-channel EMG signals and then comparing the results with those obtained by an expert human operator. The signals came from a study of the architecture of the brachioradialis muscle [74], in which recording sites were as far as 100 mm apart, thus providing a good test of

the program's ability to accommodate inter-channel offset and jitter. We had confidence that the manual decompositions were highly accurate, and therefore we expected the comparison to provide a reasonable approximation of the program's accuracy.

Three healthy subjects sat with the elbow braced at 160° of extension and made 20-s-long constant isometric elbow flexions against resistance provided at the wrist by one of the investigators. The level of contraction was chosen to produce single-channel EMG signals with 2 to 8 active MUs, as judged by monitoring the signals on an oscilloscope. Audio feedback was provided to help the subjects maintain a steady contraction. Force was not measured, but was estimated by the subjects to be between 5 and 20 % of maximum. The study was approved by the Stanford University Committee on the Use of Human Subjects in Research and each subject gave informed consent.

Signals were recorded simultaneously from 3 or 4 pairs of fine wire electrodes and a needle electrode inserted at different locations along the proximodistal axis of the brachioradialis muscle. The wire electrodes (custom, Jari Electrode Supply, Gilroy, CA) had $50\ \mu\text{m}$ diameter and 0.5 mm of exposed conductor at the tip, with the wires in each pair being offset by 2 mm. The needle electrodes (27 gauge disposable monopolar needle, EMG Wholesale Supply, Milford, OH) had about the same length of exposed conductor as the wires. The depth of each insertion was chosen to position the recording surfaces at the center of the muscle cross section, as judged by the electromyographer. The fine-wire insertion sites were separated along the muscle axis by 20 or 30 mm, and the needle was inserted either between or beyond these sites. The distance between the most proximal and most distal insertions ranged from 60 to 100 mm. Several contractions were recorded per subject, with the wire electrodes remaining in place and the

needle electrode being moved to a different location between contractions. The signals were recorded in a monopolar fashion with respect to a surface electrode over the muscle belly, resulting in a total of 6 to 8 signals per contraction. The signals were amplified and filtered (5 Hz – 5 kHz) (Viking, Nicolet Biomedical, Madison, WI), and digitized at a sampling rate of 10 kHz.

Analysis was conducted on 10 multi-channel signals. These signals were digitally high-pass filtered using a 500 Hz first-order filter to flatten the signal baseline and make the MUAPs into narrower, more recognizable spikes. The filtered signals were decomposed automatically using the multi-channel program. The signals were also decomposed manually by an expert investigator using the EMGlab program. The investigator checked two features to ensure the accuracy of the manual decompositions: the energy left in the residual signal and the congruence of the MU firings. An error-free decomposition is usually characterized by a flat residual and MU discharges that occur at regular intervals. The accuracy of each manually decomposed MU was estimated from its largest SNR (peak amplitude divided by RMS signal amplitude) in any channel [86]. For MUs with a SNR greater than 2.5 the manual decomposition accuracy was estimated to be 98 % or better. For MUs with SNRs greater than 1.5, it was estimated to be 95 % or better.

For each MU, the discharge pattern determined by the program was compared with the pattern determined manually in the channel in which the expert considered the MU to have been identified most accurately. Each discharge determined by the program was counted as being correct if it was within one sampling interval of a manually determined discharge, *i.e.* within ± 0.1 ms for a 10 kHz sampling rate. Discrepancies of more than

0.1 ms but less than 2.0 ms were counted as a single false negative, while discrepancies of more than 2.0 ms were counted as both a false negative and a false positive. A MU was counted as being correctly detected by the program if at least 50 % of its discharges were correctly identified. The program's accuracy in identifying the MU was defined as the difference between the number of correct discharges and the number of false positives, divided by the total number of discharges determined manually. In this way the accuracy, false positive rate, and false negative rate added up to 100 %. Although most of the MUs discharged continuously, a few discharged during only part of a contraction. In order to avoid difficulties in matching trains with too few discharges, the analysis was restricted to MUs that discharged at least 50 times in the 20-s epoch.

5.5 Results

A total of 176 MUs with more than 50 discharges were detected manually, and 183 were detected by the program (Table 5.I). Each of these MUs discharged continuously throughout its 20-s epoch except for 20 MUs that were recruited or derecruited during the epoch. An additional 14 MUs discharged intermittently or were recruited late in the epoch and were rejected for having fewer than 50 discharges. The number of MUs per contraction ranged from 9 to 25. The mean firing rates varied from 7.6 to 14.5 Hz. The durations of the multi-channel templates ranged from 4.7 ms to 32.0 ms, with the largest conduction delay being about 20.0 ms. Fig. 5.2 (a) illustrates a typical decomposition of a 7-channel recording over a 500-ms high-pass-filtered portion of the original signal. The residual after completion of the identification phase is shown in Fig. 5.2 (b): its small RMS amplitude is a strong indication that most identifications were accurate. Fig. 5.2 (c) shows the templates determined during the clustering phase.

Recording	Clustering		Identification	
	# MUs detected Auto / Manual [Common]	Time (s)	Accuracy Mean \pm SD (%) [Median]	Time (s)
A1	14 / 12 [12]	9.9	98.3 \pm 2.4 [99.5]	32.5
A2	20 / 20 [20]	17.4	97.5 \pm 2.4 [97.7]	75.7
A3	21 / 21 [21]	17.4	96.2 \pm 4.7 [99.0]	78.1
A4	23 / 22 [22]	18.3	97.0 \pm 3.1 [98.0]	89.8
B1	15 / 15 [15]	13.5	97.0 \pm 3.0 [97.5]	38.1
B2	20 / 21 [19]	15.8	92.2 \pm 12.6 [96.3]	121.2
B3	10 / 9 [9]	12.0	98.6 \pm 1.6 [99.5]	41.6
C1	14 / 12 [12]	12.9	95.1 \pm 10.6 [99.4]	34.4
C2	21 / 19 [19]	16.9	93.4 \pm 10.5 [97.8]	100.6
C3	25 / 25 [24]	18.9	93.9 \pm 7.4 [95.4]	126.2

Table 5.I: Summary of the decomposition results. In the Recording column, the labels refer to the subjects (A, B or C) and the trial number (1–4). In the Clustering column, the number in brackets refers to the motor units detected both by the expert and by the program.

Of the 176 MUs detected manually, 114 (65 %) had a SNR in at least one channel greater than 2.5 and so were presumed to have been manually decomposed with an accuracy greater than 98 %. An additional 27 MUs (15 %) had a SNR greater than 1.5 and were therefore presumed to have been manually decomposed with an accuracy greater than 95 %.

The program correctly detected 173 (98 %) of the manually detected MUs (Table 5.I). In addition, it detected 10 MUs that had not been found manually. The 13 discrepant MUs were all difficult to decompose because of their intermittent firing, poor SNR in most channels, and/or shape similarity to other MUs. In order to quantify the difficulty

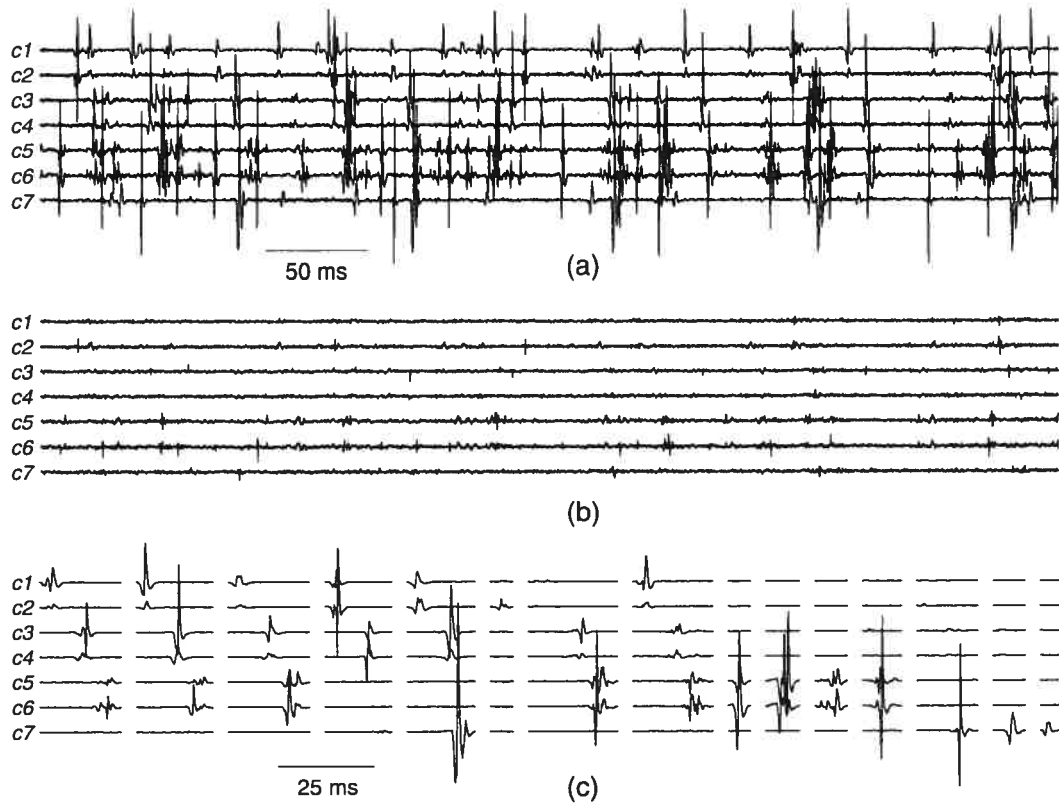


Figure 5.2: Typical decomposition results for a 7-channel recording. (a) Original recording after high-pass filtering. (b) Residual after completion of the identification phase. (c) Template sets obtained after completion of the clustering phase. Same amplitude scale for (a)–(c) (arbitrary units).

of decomposition, we devised a merit figure called the decomposability index (DI). The DI of the k th MUAP in the i th channel was defined by the following formula:

$$DI_{ik} = \frac{\min(\|\vec{m}_{ki}\|, \|\vec{m}_{ki} - \vec{m}_{k^*i}\|)}{V_i^{RMS}} \quad (5.1)$$

where \vec{m}_{ki} is the template of MUAP k in channel i , \vec{m}_{k^*i} the template most similar to \vec{m}_{ki} among the other templates in the same channel, V_i^{RMS} the RMS value of the entire signal in channel i , and $\|\cdot\|$ the Euclidean norm. The DI measures the separation between

template \vec{m}_{ki} and the template nearest to it (or the baseline) considered as vectors in hyperspace, normalized by the standard deviation of the noise component (interference plus baseline noise) projected along their vector difference. The overall decomposability of MU k was measured by the composite DI (CDI), defined as the norm of the individual DIs. For example, the DIs of the MUAP templates in Fig. 5.1 ranged from 1.6 (c2) to 16.7 (c7) and the CDI was 22.0. Templates with DI values greater than 5 were usually decomposed reliably (*e.g.*, templates #4–7 in Fig. 5.1). The 3 MUs missed by the program had CDIs less than 5, which means that all of their single-channel DIs were less than 5.

The identification accuracy of the program was consistently good for all the signals (Table 5.I). Identification accuracy over the entire set of 173 common MUs ranged from 53 % to 100 %. For 135 of the MUs (78 %) the accuracy was greater than 95 %, and for over half it was greater than 98 %. The accuracy was less than 80 % for only 7 MUs. The accuracy increased somewhat when a looser tolerance of ± 0.5 ms was used [36], but for most of the MUs (132) the improvement was less than 1 %. MUs with low accuracy usually had a low CDI as well, but, as shown in Fig. 5.3 (a), some MUs with low CDIs were nevertheless decomposed quite accurately. Identification errors were predominantly false negatives. The rate of false positives was less than 3 % for 164 MUs (95 %). High false positive rates were seen in cases in which distinct MUs had similar MUAP shapes in one channel and no high-DI templates in any of the other channels to help tell them apart.

Table 5.I also shows the time required for the clustering and identification phases. It can be observed that the time required to complete the clustering phase ranged from

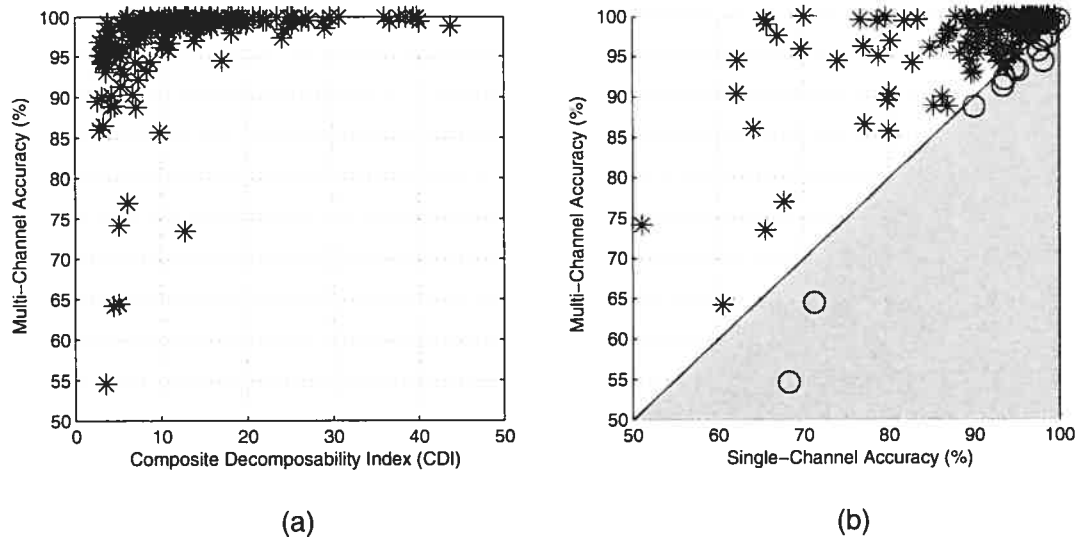


Figure 5.3: Identification results for the individual motor units (MUs) from all 10 recordings. (a) Multi-channel accuracy with respect to the composite decomposability index. (b) Multi-channel accuracy with respect to single-channel accuracy. In (a), asterisks indicate MUs for which the accuracy improved with multiple channel approach and circles indicate MUs for which the accuracy decreased.

10 to 20 s (with a Pentium IV 2.8 GHz desktop computer) and was proportional to MU activity. For the identification phase, the execution time showed considerable variability and once again seemed to be related to the amount of MU activity, with times ranging from 30 s to just over 2 minutes.

We also decomposed each channel of each recording separately using a single-channel version of the program in order to quantify the accuracy improvement brought about by using multiple channels. The accuracy of the single-channel program was assessed for each MU in the channel selected by the expert. Using multiple channels, the decomposition accuracy was better for 135 MUs (78 %) with a mean improvement of +6% while it was the same for 15 MUs (9 %), and was poorer for 21 MUs (12 %) with a mean decrease of -4 %. These differences are shown in Fig. 5.3 (b), with the asterisks indicating

MUs for which accuracy increased using multiple channels and the circles indicating MUs for which it decreased. It can be seen that most of the circles are along the diagonal, indicating that most of the accuracy decreases were very small. Note that 2 MUs detected with multi-channel decomposition could not be detected using single-channel decomposition.

5.6 Discussion

The validation results for the multi-channel program are on a par with those reported for the Precision Decomposition system [94] and show that the program is suitable for multi-channel decomposition of real intramuscular EMG recordings. Although the signals that were analyzed had high SNRs and were collected in a controlled setting, they entailed many of the difficulties encountered clinically, namely intra-MU shape variability, inter-MU shape similarity, and MU recruitment and derecruitment. In addition, the recordings had high levels of activity, ranging from 10 to 25 simultaneously firing MUs. While this much activity was not present in every channel, some of the single-channel signals did have 20 MUs above the noise level, and superimpositions of 5 or more MUAPs were not uncommon. Despite this complexity, the program was able to reliably detect and accurately identify the majority of the MU discharges in a completely automatic fashion. This made it a relatively easy job to achieve full decomposition by manually detecting and correcting the remaining errors.

The accuracy of the program was estimated by comparison with manual decomposition. Although we cannot be certain that the manual results were entirely correct, we are confident that they approached 100% accuracy for most of the MUs. Therefore we

believe that the accuracy values estimated for the automatic program present a reasonable approximation of the program's true accuracy on this particular set of signals.

The additional information provided by the use of multi-channel recordings made MU identification more accurate (Fig. 5.3 (b)). Due to the different geometrical configurations at the different recording sites, MUAPs that were difficult to detect in one channel could often be reliably identified in another. In addition, because of the different conduction delays between the channels, MUAPs that overlapped in one channel were often interference-free in another. Even MUs with a high DI could often be identified more accurately when information from another channel made it possible to peel off interference caused by smaller MUAPs.

Multiple channels are beneficial when the additional views offer complementary but consistent information. In this study, nearly all the MUs that were seen reliably ($DI > 5$) in at least 2 separate channels were decomposed with 100% accuracy. However, since the two wires in each fine-wire pair were very close (2 mm), their signals often yielded redundant information, *i.e.* templates with similar DIs and negligible inter-channel offset (*e.g.*, see Fig. 5.2 (c), c5-c6). Such redundant information could have been ignored without compromising decomposition accuracy.

Multiple channels can be detrimental if they provide conflicting information. This can occur when data in one channel incorrectly corroborates a false positive—or incorrectly rules out a correct identification—made in another channel. To minimize the effect of such errors, the program does not allow smaller templates to contradict larger ones. More precisely, templates whose DI is less than one third of the highest DI of the same

MU are not allowed to initiate or prevent identifications. With this rule in place, adding additional channels rarely caused a significant reduction in decomposition accuracy.

Decomposing multiple channels takes time. While the single-channel version of the program can decompose moderately complex recordings (<12 MUs) faster than real time, the multi-channel program takes 2 to 7 times real time. In the clustering phase, the processing time is proportional to the number of channels since clustering and median averaging (which typically accounts for 25 % of the total clustering time) are performed separately in each channel. In the identification phase, the processing time is not directly related to the number of channels since the program constantly switches between channels as it matches the templates, rather than processing them separately. The most time consuming part of the identification phase is trying to resolve complex superimpositions of unknown constituents. The additional information provided by multiple channels allows many superimpositions to be resolved more quickly. On the other hand, the need to accommodate inter-channel jitter imposes an additional computational expense. At present, the multi-channel program is not suitable for real-time applications, but it may be quite suitable for applications in which the additional information and accuracy provided by multiple signals outweigh the extra computational expense.

The program assumes that MUAP shapes do not change during the recording. This assumption is valid for many short-term isometric contractions, especially when using relatively non-selective electrodes, as evidenced by the good results obtained here. However, such constancy cannot be expected in every signal, especially during longer or non-isometric contractions. To solve this problem, some decomposition methods explicitly track MUAP shape changes over time [76, 134].

The program also does not specifically address the jitter between MUAP components within a single channel. Inter-component jitter is a large source of MUAP shape variability in polyphasic MUAPs and MUAPs with satellite potentials. Fig. 5.4 shows an example of a polyphasic MUAP with inter-component jitter between its two main components. The traces in Fig. 5.4 (a) are aligned by the second component. Because of the jitter, the first component of the averaged template is blurred [87], and there are large residuals when the template is peeled off from the individual segments (Fig. 5.4 (b)), which can result in decomposition errors. To prevent this from happening, separate templates should be formed for each component, with the requirement that they always occur together within a certain range of offsets. Fig. 5.4 (c) shows the reduction of the energy that would be obtained in the residual signal as a result of using 2 separate templates instead of one single template to better match the polyphasic MUAP. The program does allow adjustment of templates in different channels to accommodate inter-channel jitter, and we are currently working on an algorithm to address intra-channel jitter as well.

In conclusion, we have presented a novel program for the decomposition of multi-channel recordings. The method is automatic, robust, accurate and relatively fast, although it is not yet suitable for real-time applications. The program greatly reduces the amount of human involvement required to achieve full decomposition. The program is part of the EMGLab package freely available at <http://emglab.stanford.edu>. The 10 recordings used in the validation study and the expert manual annotations are also available on that website.

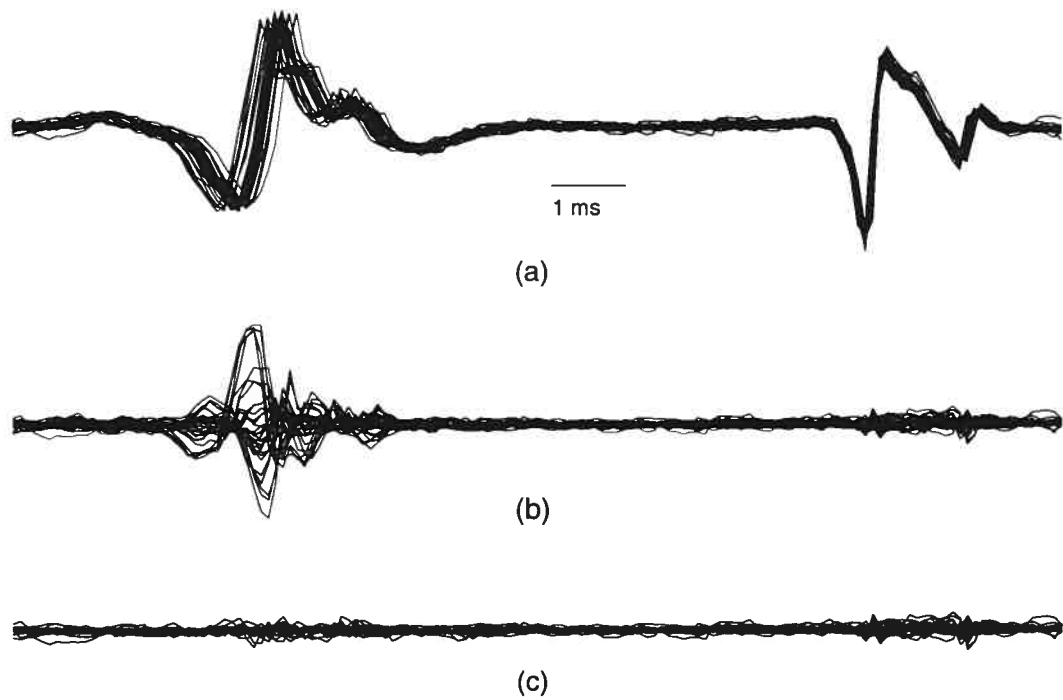


Figure 5.4: Inter-component jitter in a polyphasic MUAP. (a) Several occurrences of a MUAP with two jittering components. (b) Residual after subtracting the template from each occurrence. (c) Residual after aligning and subtracting separate templates for each component.

CHAPITRE 6

DISCUSSION

6.1 Atteinte des objectifs

L'information contenue dans les signaux EMG captés intramusculairement est une fenêtre ouverte sur les stratégies pouvant être mises en œuvre par le SNC pour activer les muscles. Pour analyser ces signaux, des systèmes de décomposition sont de plus en plus utilisés. Dans l'abondante littérature sur ce sujet, on relève que les systèmes proposés présentent des lacunes comme la nécessité d'ajuster manuellement plusieurs paramètres, l'incapacité de traiter les signaux en configuration multi-canaux, l'inefficacité de la résolution de superpositions composées de plus de 3 PAUMs et le temps d'exécution considérable. Vu ces contraintes, leur utilisation demeure souvent confinée au laboratoire qui les développe. Dans ce contexte, notre objectif a été d'élaborer un système de décomposition robuste, performant et rapide de manière à ce qu'il puisse facilement être adopté par d'autres laboratoires de recherche.

6.1.1 Robustesse

Le premier objectif spécifique stipulait que notre système devait être en mesure de traiter différents signaux sans que l'utilisateur ne doive ajuster de paramètres. Cet objectif a été atteint, car les signaux peuvent être analysés de façon automatique, indépendamment de la configuration (simple- ou multi-canaux), de l'amplitude des PAUMs, du niveau de bruit, du nombre d'UMs actives, etc. Toutes ces caractéristiques sont estimées à l'in-

terne. L'utilisateur n'a à intervenir que pour indiquer la fréquence d'échantillonnage, un paramètre qui ne peut d'aucune façon être déterminé à partir du signal. Toutefois, si l'utilisateur le désire, il peut également indiquer les gabarits et ainsi court-circuiter le module d'extraction de gabarits (segmentation, extraction d'attributs et catégorisation) pour passer directement au module d'identification de PAUMs (classification et résolution de superpositions) comme le voulait une des exigences spécifiques de ce projet.

La robustesse du système est imputable aux diverses stratégies itératives adoptées lors de chacune des étapes de décomposition. Au niveau de la segmentation, la détermination du seuil d'amplitude se fait en deux temps. Une segmentation préliminaire est d'abord réalisée en utilisant comme seuil la valeur moyenne du signal rectifié. Le niveau de bruit est ensuite déterminé en calculant la moyenne des échantillons qui ne font pas partie des segments actifs. Cette approche garantit que l'estimation du niveau de bruit sera fiable et qu'elle ne sera pas biaisée envers les PAUMs de grande amplitude, comme c'est le cas pour les méthodes directes basées sur la moyenne, la valeur RMS ou l'amplitude maximale. Ensuite, la segmentation comme telle s'effectue à l'aide de deux seuils : un seuil fixé à 3 fois le niveau de bruit qui permet de délimiter les PAUMs de grande amplitude et un autre égal au niveau de bruit qui permet de détecter les PAUMs de faible amplitude. Mentionnons toutefois que les PAUMs de faible amplitude demeurent difficiles à détecter. Pour les signaux où la disparité entre PAUMs est grande, cette approche multi-seuils est plus robuste et donne de meilleurs résultats qu'une approche à seuil unique.

Au niveau de la catégorisation, le processus se fait également en deux temps. D'abord, à l'aide d'arbres squelettiques menant à une catégorisation très rapide des PAUMs semblables. Pour les PAUMs polyphasiques, où le grand nombre d'extrema confère à la mé-

thode un pouvoir de discrimination accru, la catégorisation est souvent optimale, c'est-à-dire qu'à chaque UM active correspond une et une seule catégorie. Toutefois, la fiabilité diminue en présence de PAUMs bi- ou triphasiques lorsque, par surcroît, l'amplitude dépasse à peine le niveau de bruit. Dans ces cas, les arbres squelettiques sont grossiers et mènent parfois à une catégorisation sous-optimale, c'est-à-dire où l'on retrouve des catégories inhomogènes, manquantes ou dupliquées. C'est pourquoi les PAUMs correspondant aux arbres squelettiques catégorisés sont comparés entre eux à l'aide de la pseudo-corrélation comme mesure de similarité, ce qui permet au besoin de scinder et/ou fusionner des catégories afin d'en assurer l'homogénéité et l'unicité. Cette approche en deux temps est robuste aux erreurs de catégorisation.

Au niveau de la classification et de la résolution de superpositions, ces étapes sont appliquées à maintes reprises en utilisant chaque fois un seuil de similarité qui décroît de manière monotone. D'abord, tous les PAUMs du signal dont la comparaison avec leur gabarit affiche un indice de PsC supérieur à 0.8 sont identifiés et retirés du signal. Il s'agit d'une valeur stricte qui rend peu probable les situations où deux PAUMs correspondant à des UM distinctes seraient confondus. Le seuil de similarité est ensuite réduit par décrétement de 0.1 jusqu'à environ 0.3 grâce aux identifications que l'on qualifie de fiables et qui assistent dans l'identification des PAUMs à la forme plus ambiguë. En effet, lorsqu'une UM décharge de façon régulière, on peut prédire à peu près où apparaissent ses PAUMs et ainsi les identifier avec un haut degré de confiance même si l'indice de PsC est relativement faible. À l'opposé, on peut également exclure d'emblée certaines régions du signal où les PAUMs d'UMs données ne sont pas attendus, même lorsque l'indice de PsC est plus ou moins élevé. Le fait d'itérer plusieurs fois en réduisant le seuil de façon aussi progressive évite de se compromettre trop rapidement et permet d'atteindre une

haute performance même dans le cas où les PAUMs affichent une certaine variabilité de forme.

6.1.2 Performance

Le deuxième objectif spécifique stipulait qu'il fallait maintenir un taux d'identification élevé pour des signaux de complexité moyenne, c'est-à-dire où la densité ne dépasse pas 120 PAUMs/s. Cet objectif a également été atteint. En configuration simple canal, des signaux dont la densité pouvait dépasser 150 PAUMs/s ont été décomposés avec un taux d'identification supérieur à 90 %, tandis que des signaux de densité pouvant atteindre environ 300 PAUMs/s ont également pu être décomposés à 90 % en configuration multi-canaux. Mentionnons qu'en dépit du fait que les mesures de temps d'arrivée (*fiducial marker*) correspondaient ici au pic d'amplitude maximale, ce choix est arbitraire et n'a aucune influence sur le calcul de performances. En effet, le temps d'arrivée peut être choisi autrement, pourvu qu'il demeure inchangé pour un PAUM donné. Ainsi, lorsque les mesures de temps d'arrivée produites par notre système diffèrent de celles disponibles dans d'autres banques de données, il suffit de tenir compte de la valeur constante de décalage (*offset*) avant de produire les taux d'identification. De plus, la précision temporelle obtenue a toujours été fixée à ± 1 échantillon, de sorte que les identifications où la mesure de temps d'arrivée diffèrait de plus d'un échantillon par rapport à l'étalon ou étaient considérées comme des erreurs.

L'atteinte de cet objectif est principalement due au choix de la PsC comme mesure de similarité. La PsC s'est avérée être plus spécifique que la distance Euclidienne en ce qu'elle donne lieu à moins de faux positifs. Cette spécificité accrue a eu un effet positif sur plusieurs des étapes de décomposition. Au niveau de la catégorisation, la PsC permet

de fusionner et de scinder les catégories problématiques de PAUMs obtenues suite à la catégorisation rapide mais parfois grossière basée sur les arbres squelettiques. Il est primordial d'avoir une catégorisation sans erreur, autrement les répercussions peuvent être néfastes pour les étapes de classification et de résolution de superpositions. En effet, lorsque les gabarits obtenus sont distordus du fait qu'ils sont générés à partir de PAUMs correspondants à des UMs distinctes, la procédure d'appariement de gabarits peut donner lieu à plusieurs faux négatifs et faux positifs. De plus, lorsque certaines UMs n'ont pas de gabarit, du fait qu'elles n'ont pas été détectées ou que leurs PAUMs ont été fusionnés à tort aux PAUMs d'une autre UM, plusieurs superpositions ne peuvent être résolues.

Même dans le cas d'une catégorisation sans erreur, le choix de la PsC est préférable pour l'étape de classification. La bonne spécificité de la PsC permet de limiter le nombre de faux positifs. C'est ce type d'erreur qu'il faut éviter puisque les faux positifs sont difficiles à corriger, tandis que les faux négatifs peuvent être corrigés facilement lors d'une itération successive ou, le cas échéant, par un usager. La PsC repose sur le maintien d'une amplitude semblable entre un signal et un gabarit, ce que l'on recherche précisément dans cette application. Puisque les PAUMs ont souvent des formes similaires (bi- ou triphasique), il ne serait pas souhaitable de faire abstraction des différences d'amplitude entre formes d'onde, comme c'est le cas pour la corrélation standard qui donne lieu à plusieurs erreurs d'identification.

En plus de la PsC, les hauts taux d'identification obtenus sont imputables à la méthode de résolution de superpositions préconisée. Du recensement que nous avons fait des systèmes de décomposition dans la littérature, c'est la première fois que des superpositions sont résolues en vérifiant l'apport de chaque PAUM en soustrayant tour à tour différents

sous-ensembles de gabarits. D'ordinaire, les comparaisons avec la superposition s'effectuent plutôt en bloc par rapport à la forme d'onde résultant de l'addition de tous les gabarits, une méthode simple et rapide mais sujette à des erreurs. En effet, il peut arriver, surtout en présence d'interférence destructive, que l'insertion de PAUMs contribue à faire diminuer l'erreur, même si ces PAUMs ne font clairement pas partie de la superposition [83]. Or, la méthode préconisée par notre système est robuste à de telles situations, ce qui explique comment des superpositions complexes composées de jusqu'à 6 PAUMs et pour lesquelles l'identité des PAUMs est inconnue peuvent être résolues avec un haut taux de succès.

6.1.3 Vitesse

Le troisième et dernier objectif spécifique visait à décomposer les signaux de densité pouvant aller jusqu'à 120 PAUMs/s en un temps inférieur à leur durée. Cet objectif a également été atteint, mais seulement pour la configuration simple canal. Pour ce faire, nous avons dû limiter l'utilisation de l'AG dans la résolution des superpositions, une méthode robuste mais très lente. Avec la puissance des processeurs disponibles au moment d'écrire cette thèse (Pentium IV 3.4 GHz), un signal typique de 10 s nécessitait moins de 5 s pour être décomposé. L'objectif de vitesse n'a toutefois pas été atteint dans le cas multi-canaux lorsque le nombre de canaux est élevé (>3). Il faut noter que les signaux multi-canaux traités au chapitre 5 avaient une très haute densité (>200 PAUMs/s) et qu'ils ont quand même été décomposés en un temps inférieur à la durée équivalente des signaux individuels mis bout à bout. La rapidité avec laquelle les résultats de décomposition sont obtenus pour des signaux complexes représente l'un des principaux attraits du

système puisque d'ordinaire plusieurs secondes voire minutes d'analyse sont nécessaires pour chaque seconde de signal.

La vitesse d'exécution est le résultat d'une attention particulière portée à la réduction de calculs redondants. Pour l'étape de résolution de superpositions, tous les alignements infructueux sont mis en mémoire de façon à ne pas être tentés à nouveau lors d'itérations successives. Le système a donc des exigences élevées en terme de mémoire, mais en contrepartie, cette stratégie de mémorisation se traduit par des économies de temps substantielles. Une autre mesure simple que nous avons adoptée consiste à concentrer les recherches par rapport aux extrema du signal. Ainsi, même en cas d'une fréquence d'échantillonnage élevée, le nombre de tentatives d'alignement demeure relativement faible. Cette stratégie est encore plus efficace lorsque le signal est préalablement filtré passe-haut, ce qui a pour effet de faire ressortir les extrema davantage [84]. En outre, un tel filtrage réduit la durée effective des PAUMs et réduit donc le nombre de superpositions à résoudre.

Une autre stratégie ayant contribué à une baisse du temps d'exécution est l'utilisation d'arbres squelettiques pour la catégorisation. Puisque les arbres sont construits uniquement à partir d'extrema locaux, les objets à catégoriser sont de très petite taille. Ainsi, même en présence de plusieurs centaines d'objets, une telle catégorisation ne nécessite qu'une fraction de seconde. En dépit du fait que les arbres squelettiques sont parfois grossiers et qu'ils requièrent dans un deuxième temps la vérification de l'homogénéité et l'unicité des catégories de PAUMs, l'algorithme de catégorisation est rapide.

Toutes les routines ont été écrites en Matlab, un langage de haut niveau reconnu pour sa facilité de programmation mais également pour sa lenteur d'exécution, à l'exception de

quatre sous-routines cruciales que nous avons réécrites en C afin d'augmenter la vitesse. Pour chacune de ces sous-routines, le fait de passer de Matlab à C se traduit par un gain de vitesse variant d'un facteur 5 à 10, même si le temps d'exécution global diminue seulement d'environ 75 %. Pour réduire le temps d'exécution encore plus, il faudrait compiler le code Matlab en entier ou, mieux encore, le recoder entièrement en C. On pourrait s'attendre à des gains de vitesse allant jusqu'à un facteur 10.

6.2 Vérification des hypothèses

La première hypothèse stipulait l'utilisation d'arbres squelettiques permet de catégoriser les PAUMs de façon fiable à partir de seulement 3 attributs : 1) la séquences de phases, 2) d'amplitudes et 3) de décalages relatifs des extrema locaux. Or, cette hypothèse n'a été vérifiée qu'en partie. Cette méthode est particulièrement efficace lorsqu'il s'agit d'écarter rapidement les nombreuses formes d'onde atypiques correspondant aux superpositions et qui ne se répètent pas dans le signal. Toutefois, pour ce qui est des PAUMs récurrents, une catégorisation basée uniquement sur des arbres squelettiques s'avère parfois sous-optimale, une situation qui se produit surtout dans le cas de formes d'onde bi- ou triphasiques de faible amplitude, pour lesquelles le pouvoir de discrimination de la méthode est limité en raison du faible nombre d'extrema disponibles. À l'opposé, les PAUMs polyphasiques et/ou de grande amplitude sont généralement catégorisés de façon fiable. Afin d'obtenir une catégorisation optimale à coup sûr, il faut fusionner et/ou scinder les catégories obtenues en comparant tour à tour à l'aide de la pseudo-corrélation les PAUMs retenus comme étant authentiques. C'est cette approche jumelée qui a été préconisée ici. Ainsi, les arbres squelettiques, dont la création néces-

site l'extraction de seulement 3 attributs, accomplissent certes un excellent travail de défrichage, mais ne suffisent pas à eux seuls à parvenir à une catégorisation optimale.

La deuxième hypothèse stipulait que la PsC mène à un taux d'identification de PAUMs supérieur à ce qu'on obtiendrait à partir de la distance Euclidienne. Cette hypothèse a pu être vérifiée à en testant séparément chaque figure de mérite sur différents signaux EMG. À tout coup, une classification effectuée à l'aide de la PsC affichait moins de faux positifs. Il est donc possible d'affirmer que la PsC est plus spécifique que la distance Euclidienne. Quant à la sensibilité, ces deux figures de mérite sont comparables. En certaines occasions, la PsC peut être moins sensible, en ce qu'elle donne lieu à un peu plus de faux négatifs. La baisse de sensibilité est plus marquée dans le cas de PAUMs de faible amplitude en présence de beaucoup de bruit. Cette situation s'explique par le fait que la PsC pénalise sévèrement les moindres disparités au niveau de la phase entre deux formes d'onde. Toutefois, pour les PAUMs de grande amplitude, la PsC est équivalente à la distance Euclidienne en terme de sensibilité. Toutefois, comme les faux positifs ont une incidence plus marquante que les faux négatifs sur le taux d'identification global, on peut conclure que l'hypothèse d'un taux d'identification supérieur à l'aide de la PsC est vérifiée.

6.3 Comparaison avec d'autres systèmes

Il est difficile de comparer rigoureusement les divers systèmes de décomposition. En effet, les performances en terme de taux d'identification et de temps d'exécution dépendent largement des signaux analysés. Bien qu'il existe des méthodes standards d'évaluation

[36], ces dernières ne sont pas encore utilisées. Les comparaisons entre systèmes peuvent alors être trompeuses et sont à prendre à la légère.

La complexité d'un signal est souvent quantifiée, à tort, en fonction du niveau de contraction musculaire. Or, pour un niveau de contraction de 5 % CMV, certains signaux peuvent renfermer 2 ou 3 UMs actives tandis que de signaux ont une activité tellement dense qu'ils ne sont pas décomposables (voir Fig. 6.1). On ne peut non plus quantifier la complexité d'un signal en indiquant simplement le nombre d'UMs actives sans mentionner leurs fréquences de décharge. C'est qu'un signal où 10 UMs déchargent à une fréquence moyenne de 8 Hz est plus facile à décomposer qu'un signal renfermant autant d'UMs qui déchargent à 12 Hz en raison du nombre plus élevé de superpositions. Il est donc préférable de quantifier la complexité d'un signal en terme de densité de PAUMs/s, une initiative du groupe de Waterloo [106] à laquelle encore peu de chercheurs souscrivent. Malgré tout, plusieurs autres facteurs peuvent intervenir, notamment le niveau de bruit, la variabilité de forme au sein d'une même UM et la similitude de formes entre PAUMs d'UMs distinctes. C'est donc dire qu'on ne peut comparer rigoureusement deux systèmes à moins de ne disposer de signaux tout à fait identiques.

Un système très en vue dans le domaine et qui a même des visées commerciales est celui du NeuroMuscular Research Center de Boston. Si l'on se limite à des comparaisons qualitatives, on remarque une différence majeure entre leur système et le nôtre. Le système de Boston utilise une configuration fixe à 3 canaux qui a été développée pour satisfaire les besoins précis de leur électrode personnalisée (*custom*) de type «quadri-filar» [24] où, sur une même aiguille, on retrouve 4 petites surfaces d'enregistrement. En comparaison, notre système est en mesure de traiter plusieurs configurations : simple ca-

nal, multi-canaux simple site (électrode «quadrifilar») et multi-canaux multi-sites (voir chapitre 5). Une autre différence importante est le fait que leur système a la capacité de s'adapter aux changements temporels des PAUMs, tandis que notre système n'a pas cette capacité puisqu'il a été conçu pour des enregistrements stationnaires. Autrement, les performances semblent comparables. En effet, selon leurs plus récentes publications ayant trait à la décomposition de signaux EMG intramusculaires, les taux d'identification rapportés varient de 90 % à 98 % pour des signaux renfermant l'activité de jusqu'à 8 UMs [94–96]. Pour des signaux renfermant aussi peu d'UMs actives, notre système affiche généralement des performances comparables, mais encore une fois il est difficile de juger des performances de façon objective puisque nous ne disposons pas de leurs signaux utilisés pour la validation.

Grâce à une collaboration avec l'Université Stanford, nous avons pu comparer objectivement notre système au leur, ADEMG [84], qui est l'un des plus cités dans la littérature en raison de ses performances et sa capacité de détecter des PAUMs de faible amplitude. Dans la banque de signaux disponibles sur leur site, nous avons utilisé 5 EMG captés sur des sujets sains pour lesquelles les annotations étaient complètes : R00501, R00502, R00504, R00506 et R00507. Ces sigles réfèrent à la désignation unique de chaque signal dans la banque de données. Les signaux s'étendent sur 20 s et leurs caractéristiques sont présentées au tableau 6.I. Ils ont été décomposés par un expert électromyographe et les résultats de la décomposition manuelle font office d'étalon or auquel les résultats des deux systèmes sont comparés. Les comparaisons ont été effectuées sur la même machine, un Pentium IV 2.8 GHz. Le tableau 6.II présente les résultats obtenus en fonction du nombre d'UMs détectées (#UM), du taux d'identification (ID), du taux de faux positifs (FP), du taux de faux négatifs (FN) et du temps d'exécution (t).

Signal	Densité (PAUMs/s)	# UM
R00501	70	9
R00502	106	11
R00504	97	13
R00506	90	13
R00508	116	11

Tableau 6.I – Caractéristiques des signaux réels utilisés pour la comparaison entre systèmes. Le sigle associé à chaque signal correspond à sa désignation dans la banque de données.

Pour les deux systèmes, le nombre d'UMs extraites est le même à l'exception du signal R00501, où notre système en détecte une de plus. Mentionnons que les signaux R00504 et R00506 renfermaient plusieurs UMs dont l'amplitude des PAUMs dépassait à peine le niveau de bruit et qui n'ont pas été détectées par aucun des deux systèmes. Autrement, les deux systèmes détectent de façon fiable les PAUMs de grande amplitude. Pour ce qui est du taux d'identification, notre système obtient de meilleurs résultats partout sauf au signal R00504 où les deux systèmes obtiennent 93 %. ADEMG a un léger avantage au niveau du taux de faux positifs pour les signaux R00504 et R00506, tandis que notre système affiche moins de faux négatifs pour tous les signaux. Enfin, notre système surclasse ADEMG en terme de vitesse, alors qu'en moyenne le temps d'exécution est 10 fois moindre. Mentionnons toutefois qu'ADEMG n'est pas optimisé pour la vitesse, qu'il est écrit entièrement en Matlab sans aucune sous-routine en C et qu'il est lié à l'interface EMGlab, ce qui en ralentit l'exécution.

Signal	ADEMG					notre système				
	# UM	ID (%)	FP (%)	FN (%)	t (s)	# UM	ID (%)	FP (%)	FN (%)	t (s)
R00501	8	80	0	20	36	9	94	0	6	4
R00502	11	87	0	13	42	11	97	0	3	5
R00504	8	93	0	7	27	8	93	1	6	3
R00506	11	78	0	22	51	11	90	2	8	4
R00508	11	76	0	24	55	11	98	0	2	4

Tableau 6.II – Comparaison de performances avec ADEMG et notre système pour les signaux dont les caractéristiques se retrouvent au tableau 6.I (fractions arrondies à l'entier le plus près).

6.4 Limites

Le système comporte quatre importantes limites que nous avons évoquées au passage et que nous explicitons dans cette section. Ces mêmes limites ont été constatées pour les signaux provenant de diverses banques de données, provenant de laboratoires ou du milieu clinique. La majorité des signaux provenant du milieu clinique que nous avons analysés sont disponibles sur le site de l'Université Stanford (*Database of clinical signals*). Ces signaux ont été acquis sur une trentaine de sujets sains et malades et dans différents muscles (*biceps brachii*, *triceps brachii*, *tibialis anterior*, *vastus lateralis*, *vastus medialis*, *deltoidus*, etc.). Ainsi, nous estimons avoir mis notre système à l'épreuve avec un nombre suffisant de données réelles. Toutefois, comme seulement environ 30 des centaines de signaux réels testés étaient annotés par un expert électromyographe, il faut préciser que le système n'a pas été validé de façon objective avec un nombre suffisant de signaux réels.

La première limite qui compromet le bon fonctionnement du système est lorsque la ligne de base (*baseline*) ne se situe pas autour de zéro. Cette situation crée des problèmes au niveau de la segmentation et a des répercussions néfastes sur l'ensemble des étapes de décomposition. Toutefois, il s'agit d'une limite facile à contourner puisqu'il suffit de filtrer les signaux passe-haut afin d'en éliminer les composantes basse fréquence.

La deuxième limite est la densité des signaux. Bien qu'il n'y ait pas de seuil comme tel pour la densité maximale permise de PAUMs, on doit retrouver un nombre suffisant de PAUMs récurrents, sans quoi certaines UMs ne pourront être détectées à l'étape de catégorisation. Selon notre expérience, pour les signaux acquis en configuration simple canal où la densité dépasse 180 PAUMs/s (~ 15 UMs à 12 Hz), la catégorisation sera sous-optimale. La Fig. 6.1 montre l'exemple d'un signal où le système ne pourrait pas catégoriser les PAUMs de toutes les UMs présentes. Ce signal est tellement dense que la majorité des segments actifs qui seraient obtenus suite à l'étape de segmentation serait le résultat de superpositions de PAUMs et non des PAUMs authentiques. De plus, il est difficile d'estimer le niveau de bruit étant donné l'activité constante dans le signal. Mentionnons toutefois que lorsque les gabarits sont disponibles, par exemple s'ils sont déterminés manuellement, même des signaux très denses comme celui de la Fig. 6.1 peuvent être décomposés. Au chapitre 4, nous avons d'ailleurs fait l'exercice avec des signaux où la densité atteignait 300 PAUMs/s et le taux d'identification dépassait 85 %.

La troisième limite est l'importante variabilité au niveau de la forme des PAUMs appartenant à une même UM. Une telle situation peut survenir en cas de mouvement graduel des sites d'enregistrement lors de contractions de longue durée ou lorsque le vacillement est important. Comme à chaque UM correspond un seul gabarit pour les étapes de clas-

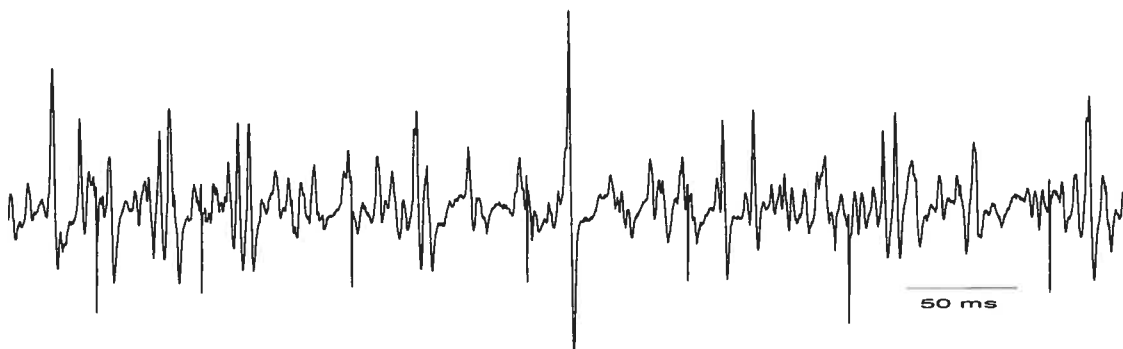


Figure 6.1 – Signal réel obtenu à un faible niveau de contraction (5 % CMV) que le système ne pourrait décomposer à moins de ne disposer des gabarits de PAUM.

sification et de résolution de superpositions, les identifications deviennent plus difficiles à mesure que la forme des PAUMs s'éloigne de celle de leur gabarit respectif. Pour remédier à cette situation, il faudrait pourvoir adapter de façon dynamique la forme des gabarits [76, 134] ou encore disposer de plusieurs gabarits par UM.

La quatrième limite est la similarité de forme entre PAUMs d'UMs distinctes. De tels PAUMs sont difficiles à distinguer même pour un humain. Le seul moyen de distinguer les PAUMs est à l'aide de leur patron de décharge respectif. Or, les UMs ne déchargent pas toujours de façon régulière, surtout dans les cas pathologiques, et il serait donc risqué de trop se fier aux patrons de décharge. C'est pourquoi le système utilise cette information avec précaution. De plus, si la similarité inter-UM est jumelée à une importante variabilité intra-UM, les signaux deviennent à toutes fins pratiques intraitables même pour un expert.

Dans ce projet, le niveau de contraction des signaux analysés ne dépassait jamais 30 % CMV, mais nous ne croyons pas que cela constitue pour autant une limite à l'applicabilité du programme. Tel que mentionné plus tôt, selon la sélectivité des électrodes, même des signaux acquis à des niveaux de contraction élevés (>50 % CMV) peuvent

être relativement simples à décomposer. Pour être en mesure de nous prononcer quant aux performances du système sur la plage de contractions $]30, 100]$ % CMV, il faudra tester de tels signaux. Toutefois, si ces derniers sont filtrés, d'une densité moyenne, que les PAUMs maintiennent une forme relativement constante et que les PAUMs d'UMs distinctes sont différenciables, les performances obtenues devraient être semblables à ce qui a été rapporté dans cette thèse.

Pour l'instant, le système ne peut être utilisé dans le but distinguer les PAUMs normaux de ceux pathologiques en milieu clinique. Pour ce faire, il faudrait la collaboration étroite de neurologues afin qu'ils nous indiquent les paramètres qu'ils utilisent pour prendre ces décisions. Toutefois, comme le système extrait la forme des PAUMs récurrents, une partie du travail est déjà accomplie et il suffira à l'avenir de construire un classificateur à partir d'une grande banque de PAUMs tant normaux que pathologiques. Parallèlement, le système n'a pas encore la capacité de détecter des fluctuations pathologiques de la fréquence de décharge. Comme la décomposition fournit un patron de décharge complet pour toutes les UMs, le potentiel d'obtenir cette information existe, mais d'autres travaux sont également nécessaires.

6.5 EMGlab

À l'origine, notre système a été conçu pour étudier, à l'Institut de génie biomédical de l'Université de Montréal, le phénomène de modulation de la fréquence de décharge d'UMs pour des signaux acquis lors de faibles contractions isométriques/isotoniques du biceps brachial. Les résultats obtenus ayant été communiqués à des congrès scientifiques, des demandes nous ont été faites en vue d'obtenir copie du code pour usage

dans d'autres laboratoires (Université du Nouveau-Brunswick, Université de Navarre, Université Stanford, École Polytechnique de Worcester).

Récemment, notre système a été intégré dans EMGlab [87], une interface graphique développée à l'Université Stanford permettant de visualiser les résultats de décomposition. Cette interface dispose de fonctionnalités conviviales qui permettent d'effectuer des modifications de manière interactive et de plusieurs boutons qui permettent d'accomplir diverses tâches interactives. Un bouton nommé 'G' a par ailleurs été spécialement créé pour accommoder notre AG pour la résolution de superposition complexes. Le bouton 'G' s'ajoute ainsi au bouton 'R' qui exécute l'algorithme de résolution de ADEMG.

EMGlab est une plate-forme idéale pour comparer les différents algorithmes de décomposition de signaux EMG intramusculaires. Pour l'instant seuls notre système et ADEMG y apparaissent, mais d'autres additions sont à prévoir. EMGlab peut être téléchargé gratuitement à l'adresse suivante : <http://emglab.stanford.edu>. Cette initiative contribuera sans doute au rayonnement de notre système et à sa diffusion de masse dans plusieurs nouveaux laboratoires en plus de pouvoir servir de point de référence (*benchmark*) pour des publications futures.

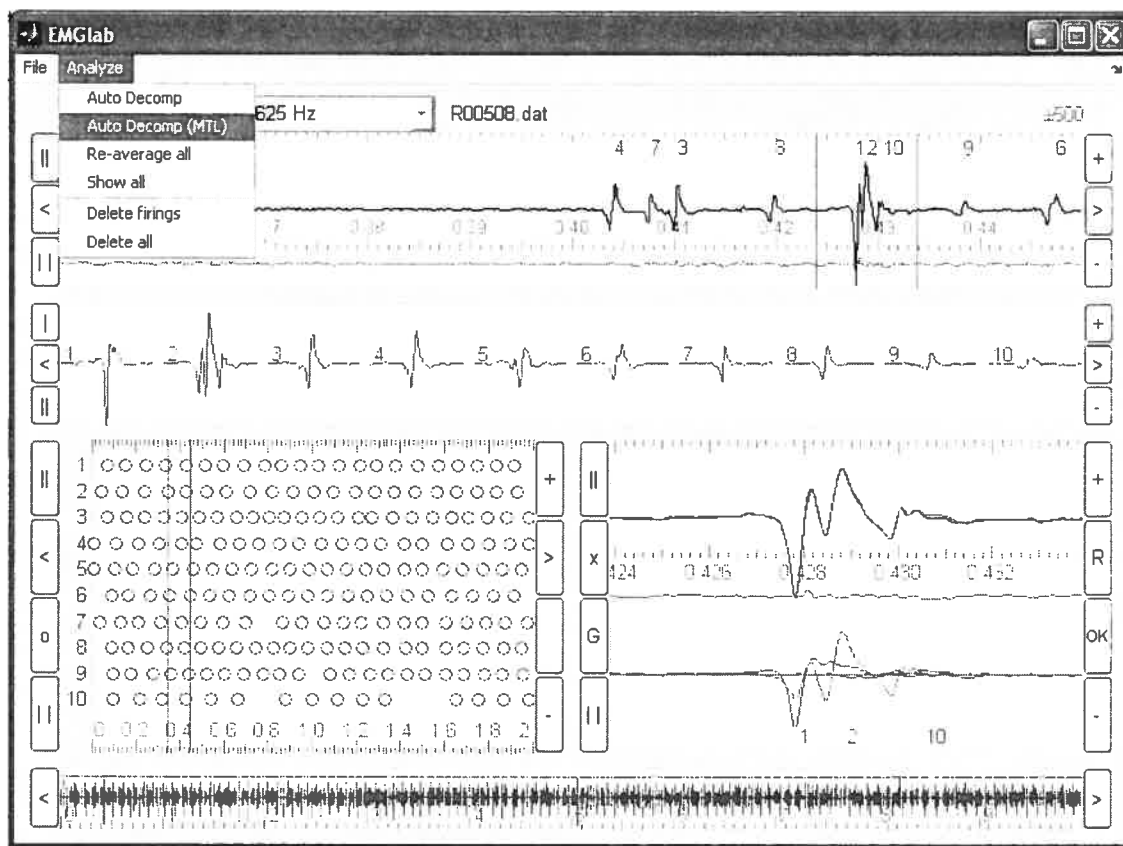


Figure 6.2 – Interface EMGLab. Notre système est invoqué par *Auto Decomp (MTL)* dans le menu *Analyse*.

CHAPITRE 7

CONCLUSION

La décomposition de signaux EMG est une application importante en électrophysiologie, comme en font foi le nombre important de groupes de recherche qui oeuvrent dans le domaine et l'abondance des publications sur ce sujet. À partir d'enregistrements intramusculaires, l'identification des PAUMs appartenant à une UM permet de connaître son patron de décharge et ces informations peuvent aider au diagnostic de dysfonctions neuromusculaires. Les systèmes de décomposition actuellement disponibles comportent plusieurs défauts qui font que leur utilisation reste souvent confinée au laboratoire où ils sont développés. Les principaux défauts relevés sont, entre autres, la nécessité pour l'utilisateur de modifier des paramètres d'un signal à l'autre, les faibles performances en présence de signaux de complexité moyenne et la lenteur d'exécution.

Le système de décomposition que nous avons développé pallie la majorité de ces problèmes. En effet, il est robuste, performant et rapide. Sa robustesse se manifeste par le fait qu'aucune intervention de l'utilisateur n'est nécessaire. L'utilisateur, s'il le désire, a toutefois la possibilité d'indiquer la forme des PAUMs recherchés. Le système privilégie plusieurs stratégies itératives pour les étapes de décomposition et estime les caractéristiques importantes de chaque signal au lieu de s'en remettre à l'usage de seuils fixes qui peuvent s'avérer être sous-optimaux dans plusieurs situations. Le système traite indifféremment les signaux acquis en configuration simple- ou multi-canaux, ce qu'aucun autre système décrit dans la littérature n'est en mesure de faire. Pour le cas de signaux multi-canaux,

le système tient compte du vacillement, le décalage aléatoire que l'on retrouve au sein des PAUMs correspondant à une même UM lorsque les sites de mesure sont éloignés les uns des autres. Ce problème n'avait jamais été traité auparavant dans la littérature.

Au niveau de la performance, les signaux de complexité moyenne sont décomposés la plupart du temps avec un taux d'identification supérieur à 90 %. Ceci s'applique autant pour les signaux synthétiques que réels. Pour ces derniers, les résultats dépendent toutefois du degré de variabilité de forme au sein des PAUMs d'une même UM et de la similitude entre PAUMs d'UMs distinctes. Ces deux situations constituent les principales limites du système. Dans le cas usuel où la variabilité est faible et les PAUMs d'UMs distinctes sont différenciables, les performances sont bonnes même pour des densités atteignant 150 PAUMs/s pour le cas simple canal et 300 PAUMs/s dans le cas multi-canaux. Les multiples perspectives offertes par les divers canaux viennent alors contrebalancer l'augmentation de la densité et facilitent l'identification des PAUMs. Lorsque la forme des PAUMs est fournie par l'utilisateur, la densité admissible en configuration simple canal passe environ à 300 PAUMs/s. Dans la littérature, les densités les plus élevées qui sont rapportées dépassent rarement 120 PAUMs/s. Le système peut décomposer les signaux de très haute densité en raison de l'efficacité de la méthode de résolution de superpositions. Les superpositions partielles sont résolues par peeling séquentiel (*peel-off*), tandis que celles qui sont plus complexes sont résolues à l'aide d'un algorithme génétique jumelé à une méthode de descente de gradient. Ce dernier est capable de déterminer de façon fiable l'identité des PAUMs impliqués de même que leur décalage relatif pour des cas allant jusqu'à 6 PAUMs. Dans la littérature, ce même problème est résolu pour les cas d'au plus 4 PAUMs. Étant donné que la complexité du problème croît de façon expo-

nentielle par rapport au nombre de PAUMs considérés, le fait de passer de 4 à 6 PAUMs représente une amélioration appréciable.

Au niveau de la vitesse, dans le cas simple canal, le système est en mesure de décomposer les signaux de complexité moyenne en un temps inférieur à la durée même du signal, ce qui montre le potentiel du système pour des applications en ligne. Dans la littérature, les systèmes nécessitent plusieurs secondes voire minutes d'analyse par seconde de signal. Pour le cas multi-canaux, la décomposition est plus lente, mais le temps requis est toujours inférieur à la durée totale des signaux pris individuellement. Le système est écrit en Matlab et lorsqu'il sera réécrit en C, on s'attend à un gain de vitesse d'un facteur 10. Les applications en ligne seront alors à la portée du système, indépendamment du nombre de canaux utilisés.

En plus du système lui-même et de l'algorithme génétique, ce projet a permis d'apporter des contributions originales au niveau méthodologique et qui sont responsables des performances atteintes. D'abord, nous avons introduit la représentation des PAUMs par arbres squelettiques, un mode de représentation symbolique qui avait fait ses preuves dans le domaine de vérification de signatures manuscrites. Les arbres squelettiques conduisent à une catégorisation très rapide des PAUMs semblables. En second lieu, nous avons mis au point une nouvelle mesure de similarité, la pseudo-corrélation, un croisement entre la corrélation (PsC) et la norme L1 entre deux vecteurs. La PsC s'est avérée être plus spécifique bien que légèrement moins sensible que la distance Euclidienne, communément utilisée dans le domaine. Globalement, l'utilisation de la PsC donne lieu à des taux d'identification de PAUMs plus élevés. Enfin, nous avons présenté une nouvelle façon d'évaluer les alignements de gabarits lors de la résolution de superpositions.

Jusqu'ici les méthodes rapportées dans la littérature faisaient état de comparaisons globales entre les superpositions et les formes d'onde reconstruites, une méthode vulnérable aux faux positifs. Ici, nous évaluons tour à tour l'apport de chaque gabarit à la superposition en soustrayant de la forme d'onde originale tous les autres gabarits impliqués, ce qui en fait une méthode beaucoup plus spécifique.

Le système présenté est utilisé avec succès dans d'autres laboratoires. Il a également été intégré à l'interface EMGLab développée à l'Université Stanford et disponible à l'adresse suivante : <http://emglab.stanford.edu>. Cette nouvelle façon de partager les connaissances devrait être profitable à l'ensemble de la communauté scientifique.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] M. Abeles et M.H. Goldstein. Multispikes train analysis. *Proceedings of the IEEE*, 65(5):762–773, 1977.
- [2] A. Adam et C.J. De Luca. Recruitment order of motor units in human vastus lateralis muscle is maintained during fatiguing contractions. *Journal of Neurophysiology*, 90:2919–2927, 2003.
- [3] M.R. Anderberg. *Cluster analysis for applications*. Academic Press, 1973.
- [4] S. Andreassen et A. Rosenfalck. Regulation of the firing pattern of single motor units. *Journal of Neurology, Neurosurgery, and Psychiatry*, 43:897–906, 1980.
- [5] A. Atiya. Recognition of multiunit neural signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 39(7):723–729, 1992.
- [6] I.N. Bankman, K.O. Johnson et W. Schneider. Optimal detection, classification, and superposition resolution in neural waveform recordings. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 40(8):836–841, 1993.
- [7] J.V. Basmajian et C.J. De Luca. *Muscle alive : their functions revealed by electromyography*. Williams & Wilkins Baltimore, 1985.
- [8] H. Bergman et M.R. De Long. A personal computer-based spike detector and sorter : implementation and evaluation. *Journal of Neuroscience Methods*, 41(3): 187–197, 1992.
- [9] M.E. Brandstater et E.H. Lambert. Motor unit anatomy. Type and spatial arrangement of muscle fibers. Dans J.E. Desmedt Ed., éditeur, *New Developments in Electromyography and Clinical Neurophysiology*, pages 14–22, 1973.
- [10] M.B. Bromberg, A.G. Smith et J. Bauerle. A comparison of two commercial quantitative electromyographic algorithms with manual analysis. *Muscle Nerve*, 22(9):1244–1248, 1999.
- [11] F. Buchtal. Electromyography in the evaluation of muscle diseases. *Neurologic Clinics*, 3:573–598, 1985.
- [12] F. Buchtal et H. Schmalbruch. Motor unit of mammalian muscle. *Physiological Reviews*, 60:90–142, 1980.
- [13] R. Chandra et L.M. Optican. Detection, classification, and superposition resolution of action potentials in multiunit single-channel recordings by an on-line real-time neural network. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 44(5): 403–412, 1997.

- [14] E. Chauvet, O. Fokapu, J.-Y. Hogrel, D. Gamet et J. Duchêne. Automatic identification of motor unit action potential trains from electromyographic signals using fuzzy techniques. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 41(6):646–653, 2003.
- [15] C.I. Christodoulou et C.S. Pattichis. Unsupervised pattern recognition for the classification of EMG signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 46(2):169–178, 1999.
- [16] A.K. Datta et J.A. Stephens. Synchronization of motor unit activity during voluntary contraction in man. *Journal of Physiology*, 422:397–419, 1990.
- [17] R.J.P. De Figueiredo et A. Gerber. Separation of superimposed signals by a cross-correlation method. *IEEE Transactions on Acoustics, Speech and Signal Processing*, 31(5):1084–1089, 1983.
- [18] C.J. De Luca. Physiology and mathematics of myoelectric signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 26(6):313–325, 1979.
- [19] C.J. De Luca. Precision decomposition of EMG signals. *Methods in Clinical Neurophysiology*, 4:1–28, 1993.
- [20] C.J. De Luca et A. Adam. Decomposition and analysis of intramuscular electromyographic signals. Dans Springer Verlag, éditeur, *Modern Techniques in Neuroscience Research*, pages 757–776, 1999.
- [21] C.J. De Luca, A. Adam, R. Wotiz, L.D. Gilmore et S.H. Nawab. Decomposition of surface EMG signals. *Journal of Neurophysiology*, 96:1646–1657, 2006.
- [22] C.J. De Luca et Z. Erim. Common drive of motor units in regulation of muscle force. *Trends in Neurosciences*, 17(7):299–305, 1994.
- [23] C.J. De Luca, P.J. Foley et Z. Erim. Motor unit control properties in constant-force isometric contractions. *Journal of Neurophysiology*, 76(3):1503–1516, 1996.
- [24] C.J. De Luca, R.S. LeFever, M.P. McCue et A.P. Xenakis. Behaviour of human motor units in different muscles during linearly varying contractions. *Journal of Physiology*, 329:113–128, 1982.
- [25] E. D'Hollander et G. Orban. Spike recognition and on-line classification by unsupervised learning system. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 26(5):279–284, 1979.
- [26] M.O. Diab, C. Marque et M. Khalil. An unsupervised classification method of uterine electromyography signals using wavelet decomposition. Dans *Proceedings of the 26th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society*, pages 192–195, 2004.

- [27] J.C. Dill, P.C. Lockemann et K.I. Naka. An attempt to analyze multi-unit recordings. *Electroencephalography and Clinical Neurophysiology*, 28(1):79–82, 1970.
- [28] P. Dimitrov, C. Phillips et K. Siddiqi. Robust and efficient skeletal graphs. Dans *Proceedings of Conference in Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 1417–1423, 2000.
- [29] G.J. Dinning et A.C. Sanderson. Real-time classification of multiunit neural signals using reduced feature sets. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 28(12):804–812, 1981.
- [30] R.C. Dubes et A.D. Jain. *Algorithm for clustering data*. Prentice Hall, 1988.
- [31] R. Duda et P. Hart. *Pattern classification and scene analysis*. New York : Wiley, 1973.
- [32] L. Edström et E. Kugelberg. Histochemical composition, distribution of fibres and fatiguability of single motor units. anterior tibial muscle of the rat. *Journal of Neurology, Neurosurgery, and Psychiatry*, 31(5):424–33, 1968.
- [33] H. Etawil et D. Stashuk. Resolving superimposed motor unit action potentials. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 34(1):33–40, 1996.
- [34] J. Fang, G.C. Agarwal et B.T. Shahani. Decomposition of multiunit electromyographic signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 46(6):685–697, 1999.
- [35] J. Fang, J. Ben-Arie, Z. Wang, G.C. Agarwal et B.T. Shahani. Separation of superimposed EMG potentials using expansion matching technique. Dans *Proceedings of the 19th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society*, pages 1585–1588, 1997.
- [36] D. Farina, R. Colombo, R. Merletti et H.B. Olsen. Evaluation of intra-muscular EMG signal decomposition algorithms. *Journal of Electromyography and Kinesiology*, 11(3):175–187, 2001.
- [37] D. Farina, A. Crosetti et R. Merletti. A model for the generation of synthetic intramuscular EMG signals to test decomposition algorithms. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 48(1):66–77, 2001.
- [38] B. Feinstein, B. Lindgard, E. Nyman et G. Wohlfart. Morphologic studies of motor units in normal human muscles. *Acta Anatomica*, 23:127–142, 1955.

- [39] J.R. Florestal, P.A. Mathieu et A. Malanda. Automated decomposition of intramuscular electromyographic signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 53(5):832–839, 2006.
- [40] J.R. Florestal, P.A. Mathieu et R. Plamondon. A genetic algorithm for the resolution of superimposed motor unit action potentials. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 2007. Accepted pour publication.
- [41] C. Forster et H.O. Handwerker. Automatic classification and analysis of micro-neurographic spike data using a PC/AT. *Journal of Neuroscience Methods*, 31(2): 109–118, 1990.
- [42] H.J. Freund, H.J. Bündigen et V. Dietz. Activity of single motor units from human forearm muscles during voluntary isometric contractions. *Journal of Neurophysiology*, 38(4):933–946, 1975.
- [43] A. Fuglsang-Frederiksen, U. Scheel et F. Buchtal. Diagnostic yield of analysis of the pattern of electrical activity and of individual motor unit potentials in myopathy. *Journal of Neurology, Neurosurgery, and Psychiatry*, 39:742–750, 1976.
- [44] A. Fuglsang-Frederiksen, U. Scheel et F. Buchtal. Diagnostic yield of analysis of the pattern of electrical activity of muscle and of individual motor unit potentials in neurogenic involvement. *Journal of Neurology, Neurosurgery, and Psychiatry*, 40:544–554, 1977.
- [45] P. Garcia, C.P. Suarez, J. Rodriguez et M. Rodriguez. Unsupervised classification of neural spikes with a hybrid multilayer artificial neural network. *Journal of Neuroscience Methods*, 82(1):59–73, 1998.
- [46] A. Gerber, R.M. Studer, R.J.P. De Figueiredo et G.S. Moschytz. A new framework and computer program for quantitative EMG signal analysis. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 31(12):857–863, 1984.
- [47] G.L. Gerstein et W.A. Clarke. Simultaneous studies of firing patterns in several neurons. *Science*, 143:1325–1327, 1964.
- [48] J.H. Goldberg. *Genetic algorithms in search, optimization and machine learning*. Addison–Wesley, 1989.
- [49] E.V. Goodall et K.W. Horch. Separation of action potentials in multiunit intrafascicular recordings. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 39(3):289–295, 1992.
- [50] S.N. Gozani et J.P. Miller. Optimal discrimination and classification of neuronal action potential waveforms from multiunit, multichannel recordings using

- software-based linear filters. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 41(4):358–372, 1994.
- [51] P. Guiheneuc, J. Calamel, C. Doncarli, D. Gitton et C. Michel. Automatic detection and pattern recognition of single motor unit potentials in needle EMG. Dans J.E. Desmedt Ed., éditeur, *Computer-Aided Electromyography*, pages 73–127, 1983.
- [52] R. Gut et G.S. Moschytz. High-precision EMG signal decomposition using communication techniques. *IEEE Transactions on Acoustics, Speech and Signal Processing*, 48(9):2487–2494, 2000.
- [53] W.F. Haas et M. Meyer. An automatic EMG decomposition system for routine clinical examinations and clinical research (ARTMUP). Dans J.E. Desmedt Ed., éditeur, *Computer-Aided Electromyography and Expert Systems*, pages 67–81, 1989.
- [54] M.H. Hassoun, C. Wang et R. Spitzer. NNERVE : Neural network extraction of repetitive vectors for electromyography. I. Algorithm. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 41(11):1039–1052, 1994.
- [55] M.H. Hassoun, C. Wang et R. Spitzer. NNERVE : Neural network extraction of repetitive vectors for electromyography. II. Performance analysis. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 41(11):1053–1061, 1994.
- [56] R.L. Haupt et S.E. Haupt. *Practical genetic algorithms*. John Wiley & Sons, 2^e édition, 2004.
- [57] E. Henneman, G. Somjen et D.O. Carpenter. Excitability and inhibability of motoneurons of different sizes. *Journal of Neurophysiology*, 28(3):599–620, 1965.
- [58] E. Henneman, G. Somjen et D.O. Carpenter. Functional significance of cell size in spinal motoneurons. *Journal of Neurophysiology*, 28(3):560–580, 1965.
- [59] N. Hiransakolwong, K. Vu, K.A. Hua et S.D. Lang. Many-to-many skeletal-graphs matching approach to shape recognition. Dans *Proceedings of Conference in Sciences of Electronic, Technologies of Information and Telecommunications*, pages 99–106, 2004.
- [60] J.H. Holland. *Adaptation in natural and artificial systems*. University of Michigan Press, 1975.
- [61] J.H. Holland. Genetic algorithms. *Scientific American*, 267(1):44–69, 1992.
- [62] R.F. Jansen. The reconstruction of individual spike trains from extracellular multineuron recordings using a neural network emulation program. *Journal of Neuroscience Methods*, 35(3):203–213, 1990.

- [63] R.F. Jansen et A. Ter Maat. Automatic wave form classification of extracellular multineuron recordings. *Journal of Neuroscience Methods*, 41(2):123–132, 1992.
- [64] N. Jiang, P.A. Parker et K.B. Engelhart. Modeling of muscle motor unit innervation process correlation and common drive. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 53(8):1605–1614, 2006.
- [65] R.L. Joynt, R.F. Erlandson, S.J. Wu et C.M. Wang. Electromyography interference pattern decomposition. *Archives of Physical Medecine and Rehabilitation*, 72(8):567–572, 1991.
- [66] C.D. Katsis, D.I. Fotiadis, A. Likas et I. Sarmas. Automatic discovery of the number of MUAP clusters and superimposed MUAP decomposition in electromyograms. Dans *Proceedings of the 4th IEEE EMBS Special Topic Conference on Information Technology Applications in Biomedicine*, pages 177–180, 2003.
- [67] C.D. Katsis, Y. Goletsis, A. Likas, D.I. Fotiadis et I. Sarmas. A novel method for automated EMG decomposition and MUAP classification. *Artificial Intelligence in Medicine*, 37(1):57–64, 2006.
- [68] V.M. Koch. *A factor graph approach to model-based signal separation*. Thèse de doctorat, Eidgenössische Technische Hochschule Zürich, 2007.
- [69] V.M. Koch et H.-A. Loeliger. Decomposition of electromyographic signals by iterative message passing in a graphical model. Dans *Proceedings of the 26th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society*, pages 65–68, 2004.
- [70] A.K. Kreiter, A.M. Aersten et G.L. Gerstein. A low-cost single-board solution for real-time, unsupervised waveform classification of multineuron recordings. *Journal of Neuroscience Methods*, 30(1):59–69, 1989.
- [71] E. Kurca et M. Drobny. Four quantitative EMG methods and their individual parameters diagnostic value. *Electromyography and Clinical Neurophysiology*, 40(8):451–458, 2000.
- [72] Z.C. Lateva et K.C. McGill. Satellite potentials of motor unit action potentials in normal muscles : a new hypothesis for their origin. *Clinical Neurophysiology*, 110(9):1625–33, 1999.
- [73] Z.C. Lateva et K.C. McGill. Estimating motor-unit architectural properties by analyzing motor-unit action potential morphology. *Clinical Neurophysiology*, 112(1):127–135, 2001.

- [74] Z.C. Lateva et K.C. McGill. Architecture of a series-fibered human muscle : EMG study of brachioradialis. Dans *Proceedings of the 16th International Society of Electromyography and Kinesiology*, page 125, 2006.
- [75] Z.C. Lateva, K.C. McGill et M.E. Johanson. Electrophysiological evidence of adult human skeletal muscle fibres with multiple endplates and polyneuronal innervation. *Journal of Physiology*, 544(2):549–565, 2002.
- [76] R.S. LeFever et C.J. De Luca. A procedure for decomposing the myoelectric signal into its constituent action potentials – Part I : Technique, theory, and implementation. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 29(3):149–157, 1982.
- [77] R.S. LeFever, A.P. Xenakis et C.J. De Luca. A procedure for decomposing the myoelectric signal into its constituent action potentials – Part II : Execution and test for accuracy. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 29(3):158–164, 1982.
- [78] E.G.T. Liddell et C.S. Sherrington. Recruitment and some other factors of reflex inhibition. Dans *Proceedings of the Royal Society of London*, volume 97, pages 488–518, 1925.
- [79] G.H. Loudon, N.B. Jones et A.S. Sehmi. New signal processing techniques for the decomposition of EMG signals. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 30(6):591–599, 1992.
- [80] S.Y. Lu. A tree-to-tree distance and its application to cluster analysis. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1(1):219–224, 1979.
- [81] B. Mambrito et C.J. De Luca. A technique for the detection, decomposition and analysis of the EMG signal. *Electroencephalography and Clinical Neurophysiology*, 58(2):175–188, 1984.
- [82] P.A. Mathieu, J.R. Florestal, A. Malanda et T.G. Simard. Motor unit activity in the biceps brachii during isotonic contractions. En révision.
- [83] K.C. McGill. Optimal resolution of superimposed action potentials. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 49(7):640–650, 2002.
- [84] K.C. McGill, K.L. Cummins et L.J. Dorfman. Automatic decomposition of the clinical electromyogram. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 32(7):470–477, 1985.
- [85] K.C. McGill et L.J. Dorfman. High-resolution alignment of sampled waveforms. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 31(6):462–468, 1984.

- [86] K.C. McGill, Z.C. Lateva et M.E. Johanson. Validation of a computer-aided EMG decomposition method. Dans *Proceedings of the 26th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society*, pages 69–71, 2004.
- [87] K.C. McGill, Z.C. Lateva et H.R. Marateb. EMGLab : an interactive EMG decomposition program. *Journal of Neuroscience Methods*, 149(2):121–133, 2005.
- [88] H.S. Millecchia et T. McIntyre. Automatic nerve impulse identification and separation. *Computers and Biomedical Research*, 11(5):459–468, 1978.
- [89] H.S. Milner-Brown, R.B. Stein et R. Yemm. Changes in firing rate of human motor units during linearly changing voluntary contractions. *Journal of Physiology*, 230(2):371–390, 1973.
- [90] K. Mirfakhraei et K. Horch. Classification of action potentials in multi-unit intrafascicular recordings using neural network pattern-recognition techniques. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 41(1):89–91, 1994.
- [91] K. Mirfakhraei et K. Horch. Recognition of temporally changing action potentials in multiunit neural recordings. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 44(2):123–131, 1997.
- [92] D.J. Mischelevich. On-line real-time digital computer separation of extracellular neuroelectric signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 17(2):147–150, 1970.
- [93] S.D. Nandedkar, P.E. Barkhaus et A. Charles. Multi-motor unit action potential analysis (MMA). *Muscle Nerve*, 18:1155–1166, 1995.
- [94] S.H. Nawab, R. Wotiz et C.J. De Luca. Improved resolution of pulse superpositions in a knowledge-based system EMG decomposition. Dans *Proceedings of the 26th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society*, pages 69–71, 2004.
- [95] S.H. Nawab, R. Wotiz et C.J. De Luca. Multi-receiver precision decomposition of intramuscular EMG signals. Dans *Proceedings of the 28th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society*, pages 1252–1255, 2006.
- [96] S.H. Nawab, R. Wotiz, L.M. Hochstein et C.J. De Luca. Next-generation decomposition of multi-channel EMG signals. Dans *Proceedings of the 24th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society*, pages 36–37, 2002.

- [97] M. Nikolic. *Detailed analysis of clinical electromyography signals*. Thèse de doctorat, University of Copenhagen, 2001.
- [98] M.A. Nordstrom, A.J. Fuglevand et R.M. Enoka. Estimating the strength of common input to human motoneurons from the cross-correlogram. *Journal of Physiology*, 453:547–574, 1992.
- [99] J.S. Oghalai, W.N. Street et W.S. Rhode. A neural network-based spike discriminator. *Journal of Neuroscience Methods*, 54(1):9–22, 1994.
- [100] F. Öhberg, H. Johansson, M. Bergenheim, J. Pedersen et M. Djupsjöbacka. A neural network approach to real-time spike discrimination during simultaneous recording from several multi-unit nerve filaments. *Journal of Neuroscience Methods*, 64(2):181–187, 1996.
- [101] M. Parizeau et R. Plamondon. A comparative analysis of regional correlations, dynamic time warping and skeletal tree matching for signature verification. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(7):710–717, 1990.
- [102] C.S. Pattichis, C.N. Schizas et L.T. Middleton. Neural network models in EMG diagnosis. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 42(5):486–496, 1995.
- [103] J.H. Petajan et B.A. Philip. Frequency control of motor unit action potentials. *Electroencephalography and Clinical Neurophysiology*, 27(1):66–72, 1969.
- [104] J.B. Peter, R.J. Barnard, V.R. Edgerton, C.A. Gillespie et K.E. Stempel. Metabolic profiles of three different types of skeletal muscles in guinea pigs and rabbits. *Biochemistry*, 11:2627–2633, 1972.
- [105] V.J. Prochazka et H.H. Kornhuber. On-line multi-unit sorting with resolution of superposition potentials. *Electroencephalography and Clinical Neurophysiology*, 34(1):91–93, 1973.
- [106] S. Rasheed, D. Stashuk et M. Kamel. Adaptive certainty-based classification for decomposition of EMG signals. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 44(4):298–310, 2006.
- [107] S. Rasheed, D. Stashuk et M. Kamel. Adaptive fuzzy k-NN classifier for EMG signal decomposition. *Medical Engineering and Physics*, 28(7):694–709, 2006.
- [108] X. Ren, Z. Yan, Z. Wang et X. Hu. Noise reduction based on ICA decomposition and wavelet transform for the extraction of motor unit action potentials. *Journal of Neuroscience Methods*, 158(2):313–22, 2006.
- [109] W. Roberts. Optimal recognition of neuronal waveforms. *Biological Cybernetics*, 35(2):73–80, 1979.

- [110] M. Salganicoff, M. Sarna, L. Sax et G.L. Gerstein. Unsupervised waveform classification for multi-neuron recordings : a real-time, software-based system. I. Algorithms and implementation. *Journal of Neuroscience Methods*, 25(3):181–187, 1988.
- [111] D.B. Sanders, E.V. Stalberg et S.D. Nandedkar. Analysis of the electromyographic interference pattern. *Journal of Clinical Neurophysiology*, 13(5):385–400, 1996.
- [112] E.M. Schmidt. Computer separation of multiunit neuroelectric data : a review. *Journal of Neuroscience Methods*, 12(2):95–111, 1984.
- [113] S.M. Selkow. The tree-to-tree editing problem. *Information Processing Letters*, 6(1):184–186, 1977.
- [114] E.V. Stalberg, B. Falck, M. Sonoo, S. Stalberg et M. Astrom. Multi-MUP EMG analysis—a two year experience in daily clinical work. *Electroencephalography and Clinical Neurophysiology*, 97(3):145–154, 1995.
- [115] E.V. Stalberg et M. Sonoo. Assessment of variability in the shape of the motor unit action potential, the jiggle, at consecutive discharges. *Muscle Nerve*, 17: 1135–1144, 1994.
- [116] D.W. Stashuk. Decomposition and quantitative analysis of clinical electromyographic signals. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 21(6):389–404, 1999.
- [117] D.W. Stashuk. EMG signal decomposition : how can it be accomplished and used ? *Journal of Electromyography and Kinesiology*, 11(3):151–173, 2001.
- [118] D.W. Stashuk et H. De Bruin. Automatic decomposition of selective needle-detected myoelectric signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 35(1):1–10, 1988.
- [119] D.W. Stashuk et C.J. De Luca. Update on the decomposition and analysis of EMG signals. Dans J.E. Desmedt Ed., éditeur, *Computer-Aided Electromyography and Expert Systems*, pages 39–53, 1989.
- [120] D.W. Stashuk et G.M. Paoli. Robust supervised classification of motor unit action potentials. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 36(1):75–82, 1998.
- [121] D.W. Stashuk et Y. Qu. Adaptive motor unit action potential clustering using shape and temporal information. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 34(1):41–49, 1996.
- [122] D.W. Stashuk et Y. Qu. Robust method for estimating motor unit firing-pattern statistics. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 34(1):50–57, 1996.

- [123] M. Torre. Nombre et dimensions des unités dans les muscles extrinsèques de l'oeil et, en général, dans les muscles squelettiques reliés à des organes de sens. *Archives Suisses Neurol Psychiatry*, 72:362–376, 1953.
- [124] J.-F. Vibert, J.-N. Albert et J. Costa. Intelligent software for spike separation in multiunit recordings. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 25(4): 366–372, 1987.
- [125] G.-L. Wang, Y. Zhou, A.-H. Chen, P.-M. Zhang et P.-J. Liang. A robust method for spike sorting with automatic overlap decomposition. Accepté pour publication, 2007.
- [126] P. Wellig et G.S. Moschytz. Electromyogram decomposition using the single-lineage clustering algorithm and wavelets. Dans *Proceedings of the 6th IEEE International Conference on Electronics, Circuits and Systems*, pages 537–540, 1999.
- [127] B.C. Wheeler et W.J. Heetderks. A comparison of techniques for classification of multiple neural signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 29(12): 752–759, 1982.
- [128] Y. Wong, J. Bank et J.M. Bower. Neural networks for template matching : application to real-time classification of the action potentials of real neurons. Dans D. Anderson Ed., éditeur, *Neural Information Processing Systems*, pages 103–113, 1988.
- [129] F. Worgotter, W.J. Daunicht et R. Eckmiller. An on-line spike form discriminator for extracellular recordings based on an analog correlation technique. *Journal of Neuroscience Methods*, 17(2):141–151, 1986.
- [130] R. Yamada, J. Ushiba, Y. Tomita et Y. Masakado. Decomposition of electromyographic signal by principal component analysis of wavelet coefficients. Dans *Proceedings of the Asian-Pacific IEEE EMBS Conference on Biomedical Engineering*, pages 118–119, 2003.
- [131] S. Yamada, H. Kage, M. Nakashima, S. Shiono et M. Maeda. Data processing for multi-channel optical recording : action potential detection by neural network. *Journal of Neuroscience Methods*, 43(1):23–33, 1992.
- [132] X. Yang et S.A. Shamma. A totally automated system for the detection and classification of neural spikes. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 35(10): 806–816, 1988.

- [133] D. Zennaro, P. Wellig, V.M. Koch, G.S. Moschytz et T. Läubli. A method to test reliability and accuracy of the decomposition of multi-channel long-term intramuscular EMG signal recordings. *International Journal of Industrial Ergonomics*, 30(4):211–224, 2002.
- [134] D. Zennaro, P. Wellig, V.M. Koch, G.S. Moschytz et T. Läubli. A software package for the decomposition of long-term multichannel EMG signals using wavelet coefficients. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 50(1):58–69, 2003.
- [135] P. Zhou et J. Yang. Decomposition of superimposed waveforms of EMG signal using fuzzy neural network. *Critical Reviews in Biomedical Engineering*, 26(5): 438, 1998.

