

Résumé

Le signal ECG représente l'activité électrique du cœur, et reflète l'état de santé de l'appareil cardiovasculaire. Il contient aussi des informations qui permettent la distinction des maladies cardiovasculaires. Le taux élevé de mortalité dans le monde dû aux problèmes liés au dysfonctionnement de l'appareil cardiaque a poussé les chercheurs à développer des techniques de classification automatique des maladies cardiovasculaires pour un bon diagnostic.

Le travail réalisé dans ce mémoire présente la méthode utilisée pour l'extraction des paramètres pertinents à partir du signal ECG afin de les utiliser dans l'optimisation des cycles cardiaques que représente un patient. La première partie aborde l'électrocardiographie qui explique l'anatomie du cœur et les caractéristiques d'une activité cardiaque (électrique et mécanique), suivi par l'étude quelques pathologies cardiaques (ESV, ESA, TV et FV). Dans la deuxième partie nous donnons une vue théorique sur les principes et le fonctionnement des algorithmes génétiques. Leurs opérateurs et le codage utilisé.

Mots clés : Arythmie cardiaque, Signal ECG, Base de données MIT-BIH, Algorithmes Génétiques.

Remerciements

*En premier lieu, je tiens à remercier «DIEU» qui m'a aidé pour que ce modeste travail soit achevé et pour que nous ayons réussi. Et tenons à remercier vivement tous ceux qui nous a orientées et nous a encouragées. Et pensons en particulier à notre encadreur **Mme Kaid Slimane Bouchra**, d'avoir a bien suivi et dirigé notre travail et de faire profiter de son savoir, ainsi de ses conseils, et pour toute l'aide, les remarques constructive qui de ont d'améliorer ce travail, et qui grâce à lui avons pu réaliser l'objectif.*

Et précieux remerciements vont aux membres de jury pour l'honneur qu'ils nous font en acceptent de juger ce travail.

En fin, je remercie nos amis pour leur aide, leur soutien et leur compréhension.

Dédicaces

A mes parents

A toute ma famille

A tous mes amis

A tous ceux qui me sont chers

Contenu

Introduction Générale.....	- 1 -
Chapitre I- 2 -Généralités Sur Le Signal ECG	- 2 -
I.1 Présentation.....	- 3 -
I.2 Anatomie du cœur.....	- 3 -
I.3 Activité mécanique cardiaque.....	- 3 -
I.3.1 La systole	- 3 -
I.3.2 La diastole	- 3 -
I.4 Activité électrique cardiaques.....	- 4 -
I.4.1Le nœud sinusal (NS).....	- 4 -
I.4.2Le nœud auriculo-ventriculaire (NAV).....	- 4 -
I.4.3Le faisceau de His	- 5 -
I.4.4Les fibres de Purkinje	- 5 -
I.5 Electrocardiographie	- 5 -
I.5.1L'Electrocardiogramme (ECG)	- 5 -
I.5.2Les dérivations	- 6 -
I.5.2.1Les dérivations bipolaires	- 6 -
I.5.2.2Les dérivations unipolaires	- 6 -
I.5.2.3Les dérivations précordiales.....	- 7 -
I.6 Ondes et Intervalles de L'ECG	- 8 -
I.6.1L'Onde P.....	- 8 -
I.6.2Le complexe QRS	- 8 -
I.6.3L'Onde T.....	- 8 -
I.6.4L'intervalle RR.....	- 9 -
I.6.5Le segment ST	- 9 -
I.6.6L'intervalle PQ.....	- 9 -
I.6.7L'intervalle QT	- 9 -
I.7 Les pathologies cardiaques	- 9 -
I.7.1Arythmies cardiaques.....	- 9 -
I.7.2Extrasystoles supra-ventriculaires.....	- 9 -
I.7.3Extrasystoles ventriculaires	- 10 -
I.7.4Extrasystoles auriculaires.....	- 10 -
I.7.5Extrasystoles jonctionnelle	- 11 -
I.7.6Tachycardie Supra-Ventriculaire	- 11 -

I.7.7	Tachycardie Ventriculaire	- 11 -
I.7.8	Fibrillation Ventriculaire	- 12 -
I.8	Artefacts visibles sur l'électrocardiogramme	- 12 -
1.8.1	Bruits techniques	- 13 -
1.8.1.1	Bruit dû au secteur.....	- 13 -
1.8.1.2	Bruit dû aux mouvements d'électrodes.....	- 13 -
1.8.1.3	Autres bruits courants.....	- 14 -
1.8.2	Artefacts physiques	- 14 -
1.8.2.1	Mouvements de la ligne de base.....	- 14 -
1.8.2.2	Bruit myoélectrique ou tremblement somatique.....	- 15 -
I.9	Conclusion	- 16 -
Chapitre II- 17 -Optimisation Et Algorithmes Génétiques		- 17 -
II.1	Introduction	- 18 -
II.2	Les algorithmes évolutionnaires (AE)	- 18 -
II.2 .1	Les Stratégies d'Evolution (SE).....	- 19 -
II.2 .2	Programmation Evolutionnaire (PE)	- 19 -
II.2 .3	Programmation Génétique (PG)	- 20 -
II.3	Historique et Principe	- 20 -
II.4	A quoi sert l'algorithme génétique ?	- 21 -
II.5	Fonctionnement d'un AG	- 21 -
II.5.1	Codage des chromosomes	- 21 -
II.5.2	Initialisation de la population	- 22 -
II.5.3	Fonction d'évaluation (Fitness)	- 22 -
II.6	Les opérateurs d'un AG	- 23 -
II.6.1	Sélection	- 23 -
II.6.1.1	La sélection par classement	- 24 -
II.6.1.2	La sélection par la roulette.....	- 24 -
II.6.1.3	La sélection par tournoi	- 25 -
II.6.2	Croisement.....	- 25 -
II.6.2.1	Le croisement à un point	- 25 -
II.6.2.2	Le croisement à deux points	- 25 -
II.6.2.3	Le croisement uniforme.....	- 25 -
II.6.3	Mutation.....	- 26 -
II.7	Les paramètres d'un AG.....	- 27 -
II.7.1	La taille de la population	- 27 -
II.7.2	Le taux de croisement.....	- 27 -
II.7.3	Le taux de mutation	- 27 -

II.7.4 Le fossé des générations	- 28 -
II.8 Le codage.....	- 28 -
II.8.1 Le codage binaire.....	- 28 -
II.8.2 Le codage réel.....	- 28 -
II.8.3Le codage de Gray	- 29 -
II.9 Critère d'arrêt	- 29 -
II.10 Conclusion	- 29 -
Chapitre III- 30 -Résultats Et Interprétations	- 30 -
III.1 Présentation	- 31 -
III.2.1 Environnement du matériel	- 31 -
III.2.1Environnement de travail	- 31 -
III.3 Les outils de développement	- 31 -
III.3.1 Choix de logiciel	- 31 -
III.3.2La base de données.....	- 31 -
III.4 Implémentation de l'algorithme génétique sous Matlab.....	- 33 -
III.4.1 Structure du programme.....	- 33 -
III.4.1.1 Le script (Application.m)	- 33 -
III.4.1.2 Le script (vectorized_fitness.m).....	- 34 -
III.4.1.3 Le script (linear_constraint.m)	- 34 -
III.5 Description de l'interface.....	- 34 -
III.5.1 Le menu.....	- 34 -
III.5.2 L'Affichage de la base de données	- 36 -
III.5.3 L'optimisation de la base de données	- 39 -
III.5.4 Résultat.....	- 40 -
III.6 Conclusion.....	- 40 -
Conclusion Générale	- 41 -
Références bibliographiques	- 42 -

Liste des Figures

Figure 1.1 : L'anatomie du cœur. [4] **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.2 : Le système d'excitation [4] **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.3 : Triangle d'Einthoven. [1] **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.4: Dérivations Unipolaires [Amar ,2012] **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.5: Dérivations Précordiales [5] **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.6: Les différentes ondes et intervalles de l'ECG [5] **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.7: Extrasystoles Ventriculaires [5] **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.8: Extrasystole Auriculaire [5]. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.9: Extrasystole Jonctionnelle dans un tracé ECG [Taboulet, 2009]. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.10: Tachycardie Ventriculaire [Talbi, 2011].... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.11: Fibrillation Ventriculaire. [5]. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.12: Interférence secteur 50 Hz. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.13: Bruit dû aux mouvements des électrodes. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.14: Dérive de la ligne de base. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 1.15: Bruit myoélectrique ou tremblement somatique. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 2.1: Différentes classes d'algorithmes évolutionnaires [Terki, 2007] **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 2.2: Organigramme d'un algorithme génétique [Baghli, 1999]. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 2.3: Croisement avec deux points [Kartobi, 2006]. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 2.4: Croisement Uniforme [Kartobi, 2006]. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 2.5: Une Mutation [6]. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 2.6: illustration schématique du codage des variables réelles [Rouet ,1999].... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.1: Modélisation de la base de données..... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.2: lignes du code de la fonction "Optimiser" **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.3: lignes du code de la fonction d'évaluation "fitness". ... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.4: lignes de code de la fonction des contraintes..... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.5: Représentation de la fenêtre principale..... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.6: Représentation de la fenêtre de l'affichage de la base de données..... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.7: Représentation des caractéristiques du signal ECG..... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.8: Représentation de la fenêtre du choix de la base de données..... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.9: la fenêtre de l'affichage du signal ECG contenu dans la base MIT-BIH. .. **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.10: Affichage de la base de données enregistrée sur 48 heures... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.11: Représentation de la fenêtre d'optimisation de la base de données..... **Erreur ! Signet non défini.**

Figure 3.12: Représentation des résultats après optimisation des données du patient. **Erreur ! Signet non défini.**

Liste des Abréviations

ECG : ElectroCardioGramme

ESV : ExtraSystole Ventriculaire

ESA : ExtraSystole Auriculaire

ESJ : ExtraSystole Jonctionnelle

FV : Fibrillation Ventriculaire

TV : Tachycardie Ventriculaire

Introduction Générale

Dans ce mémoire, nous traitons l'extraction des paramètres à partir du signal ECG extrait de la base de données MIT-BIH, en utilisant les algorithmes génétiques comme une méthode d'optimisation des données, qui sont dans notre cas de type cardiaques.

Les maladies cardiovasculaires constituent l'une des principales causes de mortalité dans le monde, un taux de 60% de ces maladies est enregistré dans les pays en voie de développement où le médicament, le diagnostic et les normes vivantes de base ne sont pas fournis. Pour ces raisons il y a un besoin urgent pour le développement de nouvelles méthodes de prévention, de détection et de traitement de ces maladies. On distingue l'électrocardiogramme (ECG) qui est un outil de mesure de l'activité cardiaque. Il est utilisé par les cardiologues pour connaître et détecter les origines des anomalies cardiaques.

Ce mémoire est composé de trois chapitres, le premier chapitre présente la physiologie du cœur et les caractéristiques d'un battement cardiaque.

Le deuxième chapitre porte sur les algorithmes génétiques, en précisant leur fonctionnement, les opérateurs utilisés et en donnant leurs fonctions d'adaptation.

Le troisième chapitre présente la conception et l'implémentation graphiques de notre application.

Chapitre I

Généralités Sur Le Signal ECG

I.1 Présentation

Ce chapitre présente le fonctionnement général du système cardiovasculaire, ses principales composantes, une description détaillée de son activité cardiaque. Puis, Le principe de l'électrocardiographie et ses différentes dérivations. Enfin, nous situons quelques types d'enregistrement qui peuvent amener à une détection de pathologies cardiaques comme exemple : les arythmies (les extrasystoles, les fibrillations, les tachycardies, etc.).

I.2 Anatomie du cœur

Le cœur est un organe musculaire creux situé entre les poumons au milieu de la cage thoracique. Il divise en deux parties qui ne communiquent pas entre elle (droite et gauche). La partie droite contient un sang pauvre d'oxygène et assure la circulation pulmonaire au contraire de la partie gauche qui contient un sang chargé (riche) en oxygène et le propulse dans tous les tissus. Chacune des parties possèdent une oreillette et un ventricule qui communiquent par une liaison appelée valve cardiaque. Elle est composée de 4 valves : la valve mitrale, la valve tricuspide, la valve aortique et la valve pulmonaire. Le cœur est le moteur central de la circulation du sang qui possède une taille environ entre 13 centimètres de long sur 8 centimètres de large, et pèse moins de 500 grammes. Son rôle est de pomper le sang et assurer l'apport de l'oxygène et des nutriments aux cellules du corps. Voilà (la figure 1.1), où nous pouvons apercevoir l'anatomie du cœur et les vaisseaux associés. [Etienne, 2003] [Talbi, 2011].

I.3 Activité mécanique cardiaque

Le cycle de la circulation sanguine se partage en deux périodes: la systole et la diastole.

I.3.1 La systole

Est la période ou bien la phase qui correspondre à l'envoi du sang dans la grande et petite circulation. Elle se décompose en trois phases: la systole auriculaire, la contraction ventriculaire isovolumique et la systole ventriculaire [Zipes, 2004].

- La systole auriculaire est la contraction des oreillettes qui chasse le sang vers les ventricules.
- La contraction ventriculaire isovolumique commence lorsque les cellules musculaires du myocarde ventriculaire se contractent.
- La systole ventriculaire qui chasse le sang vers l'artère pulmonaire et l'aorte.
-

I.3.2 La diastole

Est la phase de relaxation du cœur. Cette période est composée de deux phases: la relaxation ventriculaire isométrique et la phase de repos.

- La relaxation ventriculaire fait suite à la systole. Les ventricules se relâchent, la pression chute jusqu'à être inférieure à celle exercée dans l'aorte et l'artère pulmonaire.
- La phase de repos est écoulement libre de sang des veines caves et pulmonaires dans les ventricules via les oreillettes.

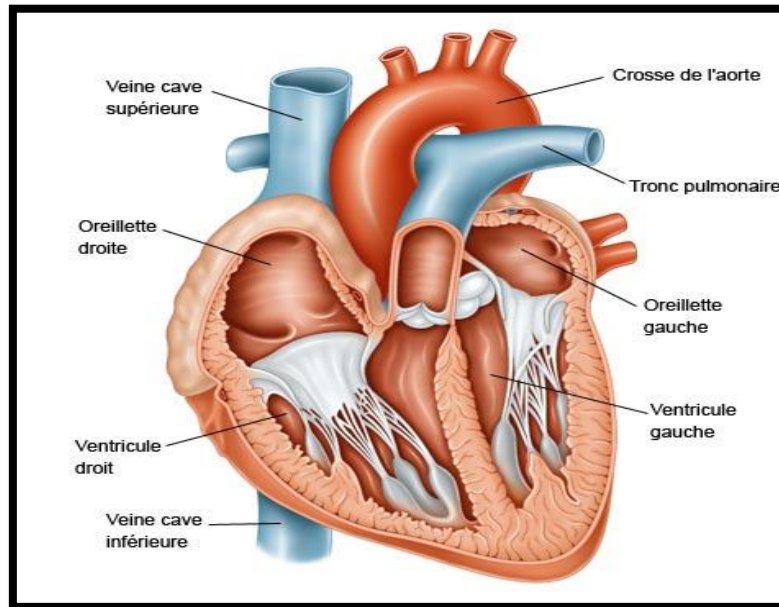


Figure 1.1 : L'anatomie du cœur.

I.4 Activité électrique cardiaques

L'activité électrique du cœur est commanditée par une impulsion électrique qui se répand comme une vague dans le muscle cardiaque. Le système d'excitation électrique prend naissance dans le nœud sinusal (NS), puis se propage vers le nœud auriculo-ventriculaire (NAV). Traversant ce nœud, le courant progresse dans le faisceau de His et dans le réseau rapide de Purkinje jusqu'à la pointe du cœur, provoquant ainsi la contraction des ventricules. [4] L'activité électrique normale du cœur suit la séquence suivante :

I.4.1Le nœud sinusal (NS)

Il génère l'activité électrique du cœur et qui est situé dans la partie haute de la paroi intérieure de l'oreillette droite. L'impulsion cardiaque initiée dans le nœud sinusal est transmise aux deux oreillettes. Cette activation est facilitée au moyen des voies spécialisées internodales qui relient le nœud sinusal au nœud auriculo-ventriculaire.

I.4.2Le nœud auriculo-ventriculaire (NAV)

Il est situé en bas de l'oreillette droite et est constitué de cellules qui présentent une conduction électrique lente. L'activité électrique qui arrive au NAV comporte une propriété qui est physiologiquement ralentie. Cette propriété permet de protéger les ventricules d'un

nombre excessif d'activations du NAV et d'activations auriculaires optimise la contraction ventriculaire.

I.4.3 Le faisceau de His

Il est situé dans la partie haute du septum interventriculaire et ses fibres traversent le tissu connectif (non excitable) qui sépare électriquement les oreillettes des ventricules. Dans les cas normaux, le NAV et le faisceau de His constituent la seule voie de propagation de l'activité électrique cardiaque entre les oreillettes et les ventricules. L'ensemble de ces deux structures est souvent appelé la jonction auriculo-ventriculaire. Le faisceau de His comprend un tronc initial qui se divise en deux branches, droite pour le ventricule droit et gauche pour le ventricule gauche.

I.4.4 Les fibres de Purkinje

Les branches du faisceau de His finissent dans un réseau de fibres qui arrivent dans les parois ventriculaires. Les fibres de Purkinje terminent en anastomoses avec les fibres myocardiques musculaires, facilitant leur excitation [Etienne, 2003].

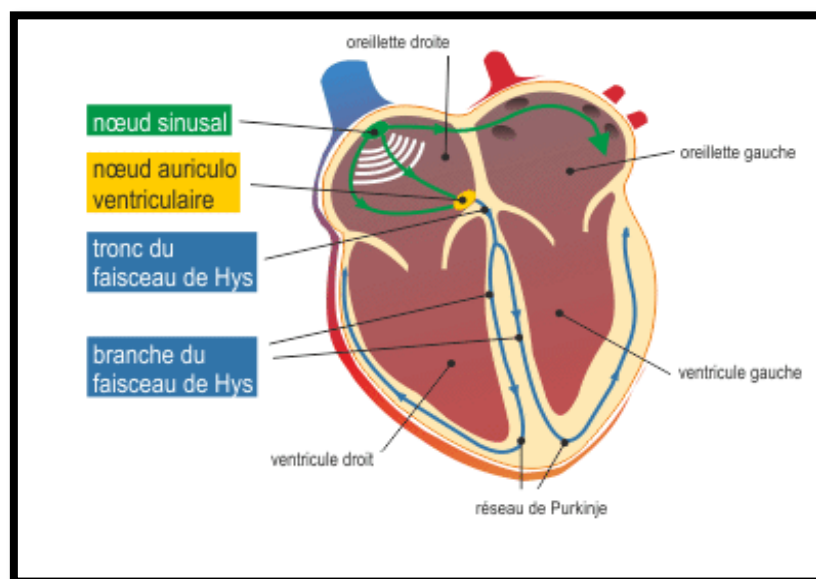


Figure 1.2 : Le système d'excitation [4].

I.5 Electrocardiographie

I.5.1 L'Electrocardiogramme (ECG)

L'Electrocardiogramme est une représentation graphique du potentiel électrique qui commande l'activité musculaire du cœur. La naissance de ces potentiels à la limite entre les zones excitées et non excitées du myocarde. Une fibre cardiaque en cours de dépolarisation peut être assimilée à un dipôle électrique. A un instant donné le front de l'onde d'activation

formé par l'ensemble des dipôles élémentaires crée un champ électrique qui est fonction des moments dipolaires. L'enregistrement de l'évolution temporelle du champ électrique résultant, effectué au moyen d'électrodes cutanées, est nommé l'électrocardiogramme de surface et appelé simplement ECG [Talbi, 2011].

I.5.2 Les dérivations

Grace aux l'emplacement et le nombre d'électrodes réparties sur le thorax et les membres, on peut enregistrer plusieurs différences de potentiel en même temps sur les appareils électrocardiographiques. Chaque mesure de ces potentiels correspond à une dérivation de l'ECG. Un système de dérivations consiste en un ensemble cohérent de dérivations, chacune étant définie par la disposition des électrodes sur le corps du patient. On distingue douze dérivations dans les plans frontal et transversal pour explorer l'activité électrique du cœur. [Amar, 2012].

I.5.2.1 Les dérivations bipolaires

Les dérivations bipolaires (standards) sont appelées bipolaires car le potentiel est mesuré entre deux électrodes. Elles ont été déterminées par Einthoven. Ces électrodes permettent l'enregistrement de dérivations frontales DI, DII, DIII avec :

$$DI = VL - VR$$

$$DII = VF - VR$$

$$DIII = VF - VL$$

Où VR correspond au bras droit, VL correspond au bras gauche et VF correspond au la jambe gauche. Les électrodes situées sur les deux avant-bras (droit et gauche) et la jambe gauche formé un triangle équilatéral appelé triangle d'Einthoven donné sur la figure 1.2 [Amar, 2012].

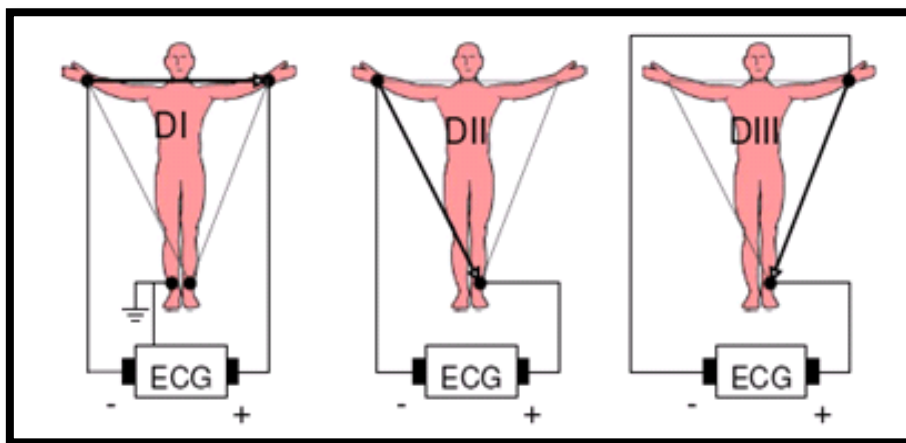


Figure 1.3 : Triangle d'Einthoven [Talbi, 2011].

I.5.2.2 Les dérivations unipolaires

L'activité électrique du cœur sur un plan frontal est étudiée par les dérivations unipolaires (aVR, aVL, aVF). Ces dérivations ont été déterminées par Wilson. (Wilson et al, 1934). Son

rôle est de mesurer la tension entre un point de référence et le bras droit, le bras gauche et la jambe gauche respectivement. Voilà La figure (1.4) qui montre les dérivations unipolaires.

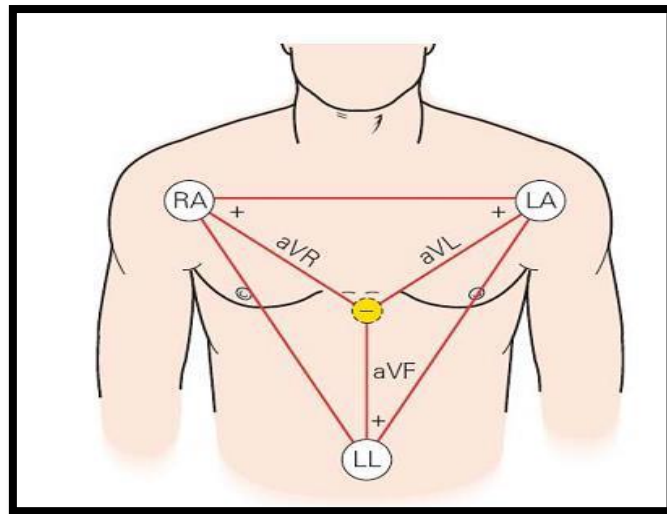


Figure1.4. Dérivations Unipolaires [Amar, 2012].

I.5.2.3 Les dérivations précordiales

Ce sont des dérivations unipolaires mises au point par Wilson (Wilson et al, 1944). Elles sont posées sur le thorax et sont désignées par la lettre V suivie du numéro de leur emplacement. Le potentiel de l'électrode exploratrice est pris par rapport à la moyenne des potentiels VL, VR et VF. Six points, définis par Wilson, permettent d'obtenir les dérivations V1 à V6. Leur emplacement est représenté sur la figure (1.5) [Amar, 2012].

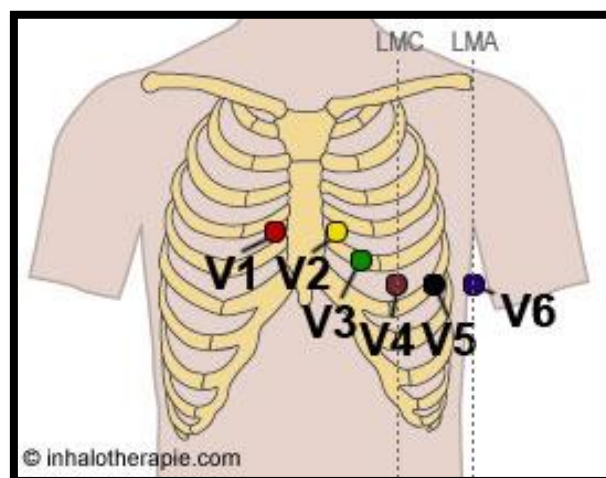


Figure 1.5. Dérivations Précordiales [5]

I.6 Ondes et Intervalles de L'ECG

Le processus de dépolarisation et de repolarisation des structures myocardiques se présente dans l'ECG comme une séquence de déflexions ou ondes superposées à une ligne de potentiel zéro, appelée ligne isoélectrique ou ligne de base. Ces déflexions sont dites positives si elles sont situées au-dessus de la ligne isoélectrique sinon elles sont dites négatives. Pour chaque battement cardiaque, l'ECG enregistre 3 ondes successives [Jean, 2003] comme montré sur la figure (1.6).

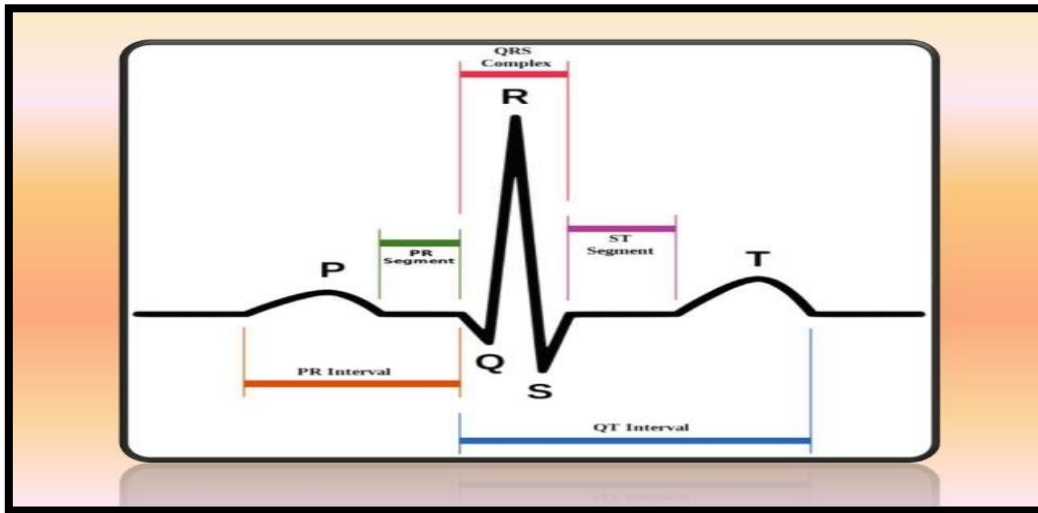


Figure1.6 : Les différentes ondes et intervalles de l'ECG [5]

I.6.1L'Onde P

Cette onde représente la dépolarisation des oreillettes. Elle peut être positive ou négative avec une durée de l'ordre de 90 ms. Son observation est difficile surtout dans des conditions bruitées. Il faut noter que la repolarisation auriculaire n'est pas visible sur l'ECG car elle coïncide avec le complexe QRS d'amplitude plus importante.

I.6.2Le complexe QRS

Ce complexe correspond à la dépolarisation ventriculaire. Il possède la plus grande amplitude de l'ECG. Il est constitué de trois ondes consécutives : L'onde Q qui est négative, l'onde R qui est positive dans un ECG normal et l'onde S qui est négative. Sa durée normale est comprise entre 85 et 95 ms.

I.6.3L'Onde T

Elle correspond à la repolarisation des ventricules, qui peut être négative, positive ou biphasique. Son amplitude est plus faible que le complexe QRS. Bien que la dépolarisation et la repolarisation des ventricules soient des événements opposés, l'onde T et l'onde R sont de même signe, ce qui indique que la dépolarisation et la repolarisation ne sont pas symétriques.

- L'ECG est aussi caractérisé par plusieurs intervalles comme on peut voir sur la figure (1.6).

I.6.4L'intervalle RR

Cet intervalle désigne le temps entre deux ondes R successives. La facilité de la détection de l'onde R donne l'importance de cet intervalle qui sert à mesurer et étudier la variabilité de la fréquence cardiaque.

I.6.5Le segment ST

Il représente l'intervalle durant lequel les ventricules restent dans un état de dépolarisation actif. Il est aussi défini comme la durée entre la fin de l'onde S et le début de l'onde T.

I.6.6L'intervalle PQ

Il représente l'intervalle de temps entre le début de la dépolarisation des oreillettes (auriculaires) et le début de la dépolarisation ventriculaire et il est mesuré entre le début de l'onde P et le début du complexe QRS.

I.6.7L'intervalle QT

Cet intervalle représente la durée entre le début du complexe QRS et la fin de l'onde T, en globant la dépolarisation et repolarisation ventriculaire. En effet sa dynamique peut être associée à des risques d'arythmie ventriculaire et de mort cardiaque soudaine.

I.7 Les pathologies cardiaques

I.7.1Arythmies cardiaques

Elles sont une cause majeure de mortalité et constituent une partie très importante de la problématique des maladies cardiovasculaires. L'arythmie survient lorsque l'excitation électrique naît hors du nœud sinusal, dans le nœud atrio-ventriculaire ou les ventricules par exemple, ou que l'onde électrique ne suit plus les voies préférentielles de propagation. La contraction cardiaque qui en résulte s'écarte du rythme normal. Le battement supplémentaire qu'elle provoque se nomme extrasystole, par opposition à la contraction normale nommée systole. On classe les arythmies en fonction de leur lieu de formation et de leurs effets sur le rythme cardiaque. Si le trouble se déclare dans les oreillettes ou le nœud atrio-ventriculaire, on parlera d'arythmie supra-ventriculaire; s'il apparaît dans les ventricules, on parlera d'arythmie ventriculaire. Lorsque le rythme cardiaque est trop rapide, on parlera de tachycardie et lorsqu'elle trop lent, on parlera alors de bradycardie [Talbi, 2011].

I.7.2Extrasystoles supra-ventriculaires

Une extrasystole supra-ventriculaire est caractérisée par une stimulation cardiaque prématurée par rapport au rythme de base. Selon son origine, elle pourra être auriculaire (oreillettes) ou jonctionnelle (nœud atrio-ventriculaire). Souvent l'hypertension artérielle, en raison de sa surcharge pour le cœur, provoque une distension des oreillettes et leur contraction prématurée.

La faiblesse du muscle cardiaque peut constituer une autre cause de ce type d'extrasystole [Talbi, 2011].

I.7.3 Extrasystoles ventriculaires

Les extrasystoles ventriculaires (ESV) sont des battements anormaux qui dues à la présence d'une zone irritative dans le ventricule qui ne se soumet pas à l'harmonie de l'activation cardiaque. Le tracé d'un battement ESV est caractérisée par : l'onde R n'est pas précédée d'une onde P, un complexes QRS large (Figure 1.7). [Talbi, 2011].

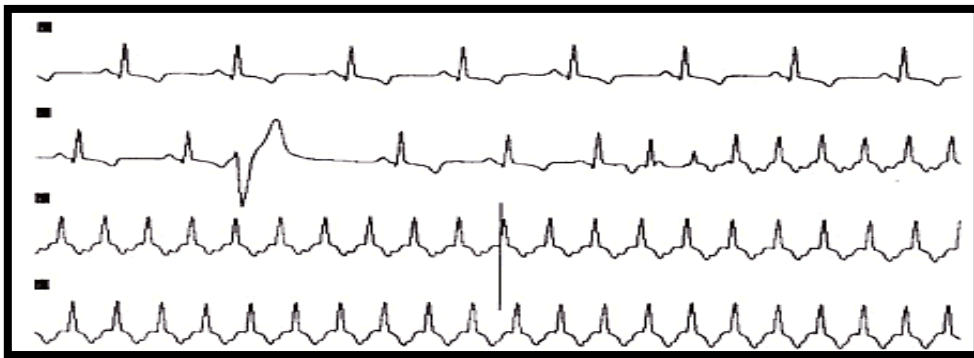


Figure1.7: Extrasystoles Ventriculaires [5]

I.7.4 Extrasystoles auriculaires

Sur l'ECG on observe un auriculo-gramme non sinusal dont l'onde P' est de morphologie différente de l'onde P sinusal (Figure 1.8). Le complexe QRS conduit est généralement identique au QRS de base. Certaines ESA conduites peuvent entrainer un bloc AV partiel (PR long) ou complet (onde P' bloquée). Comme elles peuvent entrainer un bloc de branche par un phénomène d'aberration ventriculaire. [Belloumi, 2013].

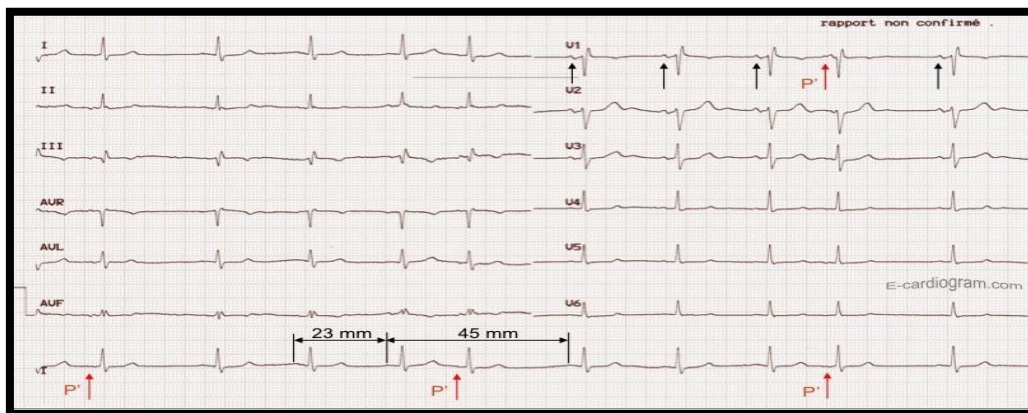


Figure1.8: Extrasystole Auriculaire [5].

I.7.5 Extrasystoles jonctionnelle

L'activité jonctionnelle originaire du nœud AV (extrasystole nodale). L'activité électrique d'ESJ est trop faible pour générer une déflexion sur l'ECG donc les ESJ sont rares. Dans une ESJ commune (dépolariation des ventricules) le QRS est de forme identique à celui des complexes sinusaux (Figure 1.9), ce QRS est suivi par une onde masquée. Dans le cas d'une ESJ cachée (dépolariation ventriculaire avec abération), un QRS large et une onde négative.

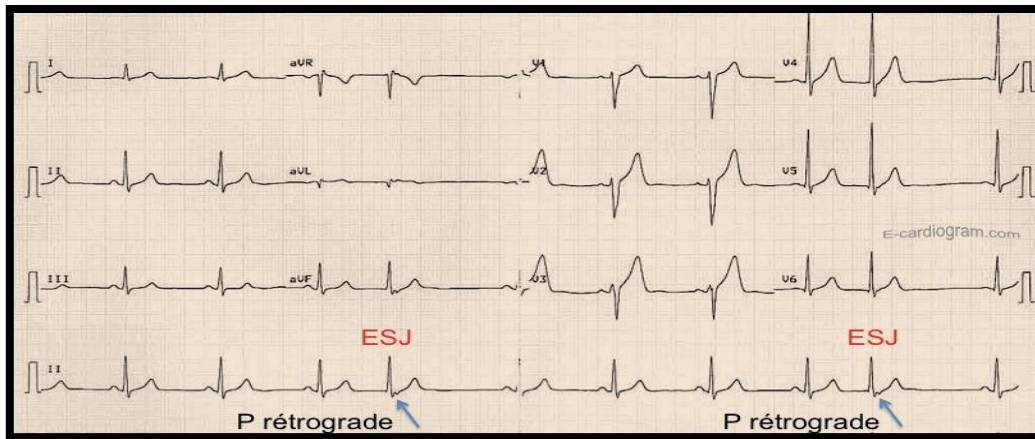


Figure 1.9: Extrasystole Jonctionnelle dans un tracé ECG [Taboulet, 2009].

I.7.6 Tachycardie Supra-Ventriculaire

Lors de tachycardie paroxystique, le cœur s'emballé soudainement et bat très rapidement, jusqu'à 150 à 220 fois par minute. Ces épisodes peuvent durer quelques secondes ou se prolonger pendant plusieurs heures. Ils s'arrêtent aussi soudainement qu'ils sont apparus. Les tachycardies supra ventriculaires peuvent apparaître dès le très jeune âge et persister toute la vie. Après ces crises, le sujet se sent fatigué, mais ce type d'arythmie est rarement dangereux. Elles nécessitent néanmoins l'attention du médecin, car elles peuvent être gênantes et diminuer la qualité de vie. [Amar, 2012].

I.7.7 Tachycardie Ventriculaire

La tachycardie ventriculaire c'est la manifestation d'un dysfonctionnement du muscle cardiaque. Elle apparaît des complexe QRS larges et des ondes P sont dissociées du rythme ventriculaire. Elle garde leur rythme propre, on les observe parfois sur le tracé de surface [Talbi, 2011].

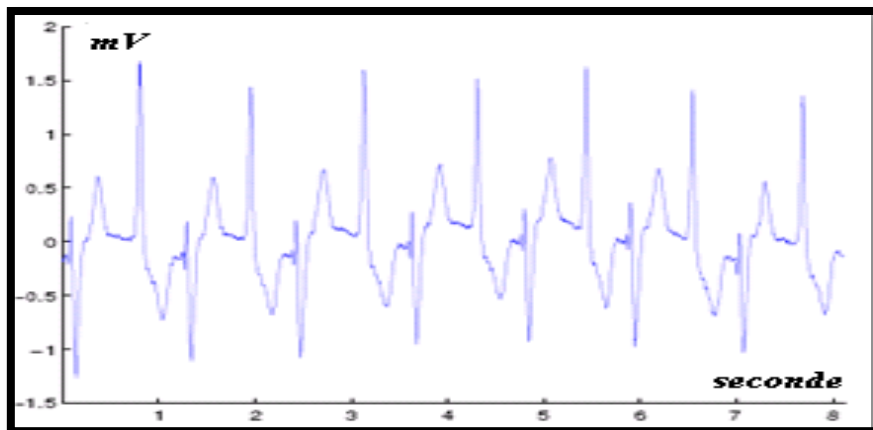


Figure1.10: Tachycardie Ventriculaire [Talbi, 2011].

I.7.8 Fibrillation Ventriculaire

C'est désynchronisation de l'activité ventriculaire. Une fibrillation ventriculaire (FV) est peut être inaugurale (mort subite), précoce (fibrillation ventriculaire primaire de bon pronostic) et parfois tardive (fibrillation ventriculaire secondaire). Chaque fibre myocardique se contracte à un rythme propre. Voilà la figure (1.11) qui montre un tracé des oscillations irrégulières et rapides de la ligne de base. [1]

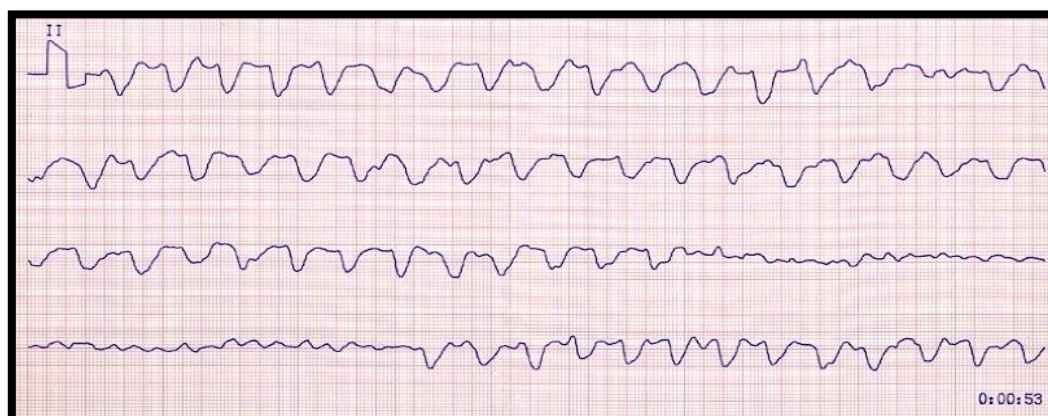


Figure1.11: Fibrillation Ventriculaire.

I.8 Artifacts visibles sur l'électrocardiogramme

Sur tout enregistrement électrocardiographique il peut apparaître des événements indésirables pouvant brouiller le tracé et, parfois, induire en erreur le diagnostic final. Ces bruits sont reconnaissables par l'œil expérimenté qui les identifie avant d'effectuer son diagnostic. Les effets indésirables peuvent avoir plusieurs sources: techniques, physiques ou pathologiques. Nous allons surtout développer l'aspect technique et physique des bruits et artefacts présents sur les tracés électrocardiographiques notamment sur les tracés Holter. En partant du principe que les bruits fréquents en électrocardiographie sont des bruits additifs, les caractéristiques de ces bruits auxquelles nous allons nous attacher sont l'amplitude, la périodicité et la bande

spectrale. Les artefacts prennent une place particulière puisqu'ils induisent des modifications des performances des algorithmes d'analyse automatique de l'électrocardiogramme [2].

1.8.1 Bruits techniques

Le matériel utilisé lors de l'enregistrement doit être manipulé avec précaution car il peut être source de bruits lors de l'enregistrement. Les plus courants sont présentes ci-dessous.

1.8.1.1 Bruit dû au secteur

Le réseau de distribution électrique peut parfois brouiller le signal électrocardiographique avec une onde dont l'harmonique principale est à 50 Hz comme montré sur la Figure (1.12). Ce type de bruit apparaît sur tout l'enregistrement et peut être assez fort mais il s'élimine facilement avec un filtre sélectif car c'est un bruit haute fréquence a bande étroite.

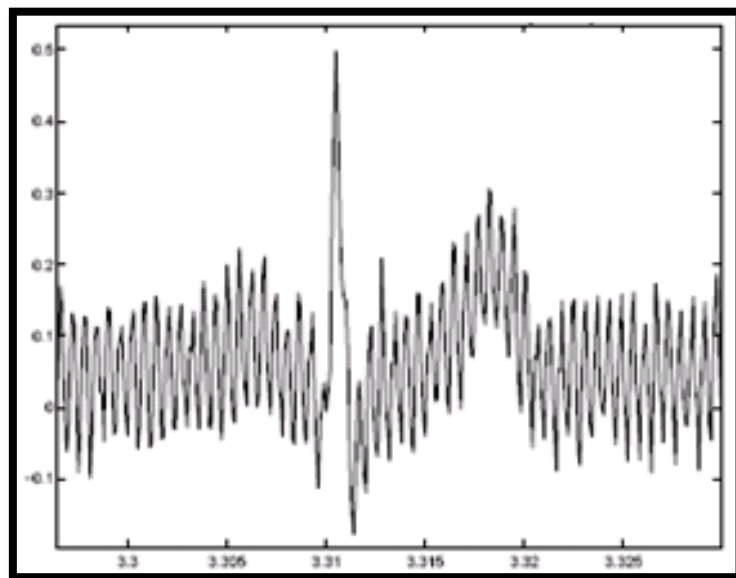


Figure 1.12 : Interférence secteur 50 Hz.

1.8.1.2 Bruit dû aux mouvements d'électrodes

Lorsque les électrodes sont connectées incorrectement, des sauts brusques de la ligne de base apparaissent. L'effet sur le tracé peut aller de la simple diminution d'amplitude à l'apparition de pics lorsque les électrodes sont en contact intermittent avec la peau. Ces pics peuvent parfois être confondus avec les ondes du tracé normal comme montré sur la Figure (1.13). Ce type de bruit intermittent à bande spectrale large s'élimine difficilement car son énergie se trouve dans la même gamme de fréquence que le complexe QRS.

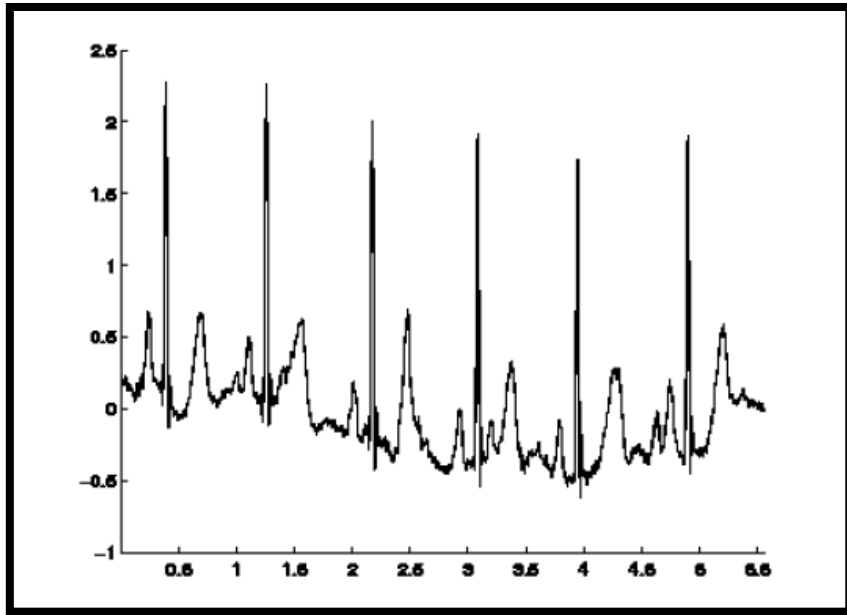


Figure 1.13 : Bruit dû aux mouvements des électrodes.

1.8.1.3 Autres bruits courants

Parmi les bruits courants on peut citer les artefacts dûs aux mouvements des câbles électriques, la saturation des instruments de mesure, les mauvais câblages, les artefacts dûs au port de vêtements synthétiques, etc.

1.8.2 Artefacts physiques

Les artefacts physiques sont dus aux activités électriques du corps humain telles que les commandes de contraction des muscles ou la respiration.

1.8.2.1 Mouvements de la ligne de base

Lors de l'enregistrement de l'électrocardiogramme, l'activité respiratoire peut faire osciller la ligne de base de l'ECG à un rythme régulier comme montré sur la Figure (1.14). D'autres perturbations peuvent avoir pour effet de déplacer temporairement la ligne de base comme, par exemple, les mauvais contacts entre la peau et les électrodes. Ces perturbations sont généralement peu gênantes pour l'analyse de l'ECG et peuvent être en grande partie filtrées car leur énergie se situe dans une bande de fréquence basse, qui empiète peu sur celle de l'ECG normal.

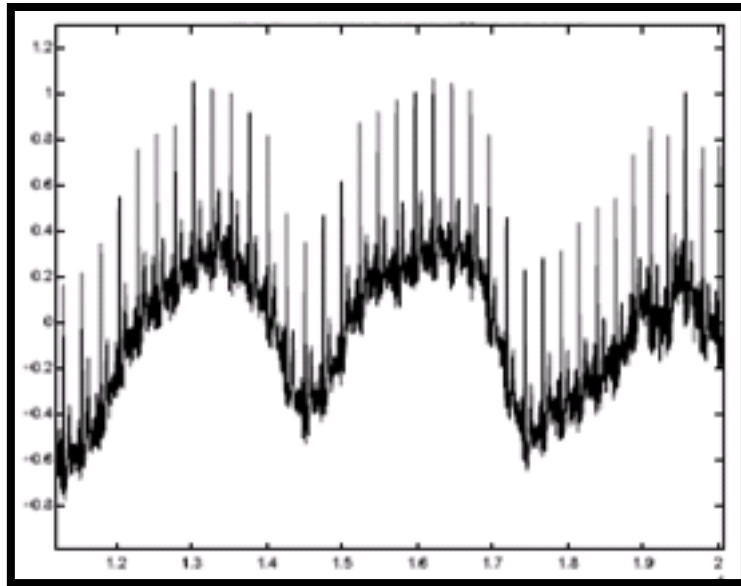


Figure 1.14 : Dérive de la ligne de base.

1.8.2.2 Bruit myoélectrique ou tremblement somatique

La contraction d'un muscle est commandée par une dépolarisation des cellules musculaires et bien que les électrocardiographes soient construits pour être surtout sensibles aux fréquences du myocarde, l'ECG enregistre les contractions des muscles squelettiques comme montré sur la Figure (1.15). L'aspect le plus courant est une oscillation à haute fréquence liée à la tension musculaire d'un sujet qui n'est pas convenablement détendu. Ces perturbations sont assez gênantes lorsque le patient bouge beaucoup ou lorsqu'il frissonne, elles peuvent noyer les ondes P et T et empêcher un diagnostic fiable. L'apparition de ces perturbations dépend de l'état du patient, s'il est très tendu ou atteint de maladie de Parkinson, l'enregistrement peut être de mauvaise qualité sur toutes les voies de l'ECG. [1].

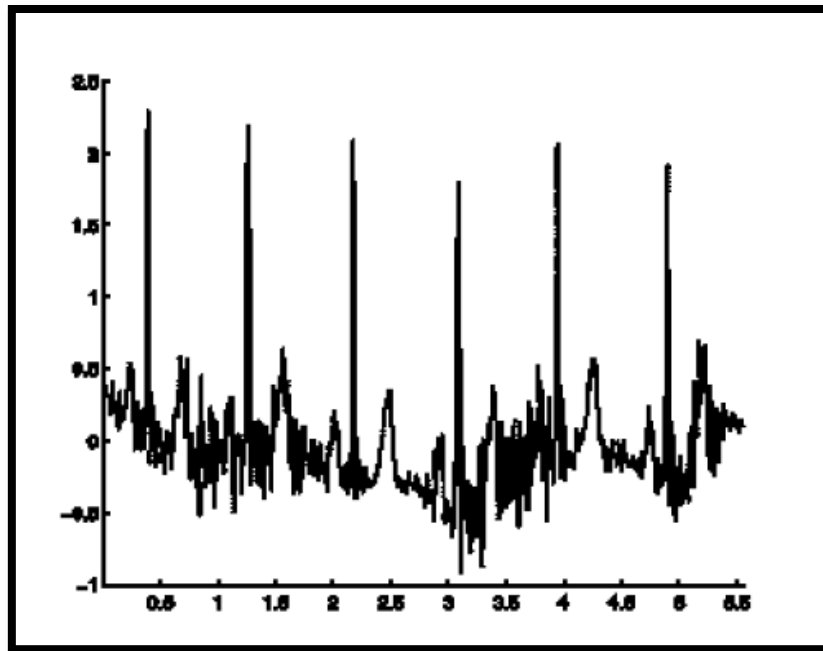


Figure 1.15 : Bruit myoélectrique ou tremblement somatique.

I.9 Conclusion

A travers ce chapitre une introduction sur l'anatomie du cœur et son électrophysiologie. Nous avons décrit l'activité mécanique du cœur ainsi que le système de conduction électrique correspondant. Ces notions sont très utiles pour comprendre la naissance du signal ECG. Nous avons exposé le principe de l'électrocardiographie et le sens de ses différentes ondes (P, Q, R, S et T) ainsi les intervalles qui les séparent afin de faire un bon diagnostic. Quelques pathologies cardiaques ont été présentées et illustrée chacune par un enregistrement ECG correspondant.

Chapitre II

Optimisation Et Algorithmes Génétiques

II.1 Introduction

L'optimisation est l'une des branches les plus importantes des mathématiques appliquées, et de nombreuses recherches. Il existe deux grandes approches de l'optimisation. L'une est dite déterministe et l'autre est aléatoire. C'est vers cette seconde approche, que va s'orienter notre travail, et plus particulièrement vers un type bien précis d'algorithmes de recherche aléatoire, les algorithmes de type évolutionnaires (algorithmes génétiques).

II.2 Les algorithmes évolutionnaires (AE)

Les algorithmes évolutionnaires sont des méthodes stochastiques d'optimisation globale basées sur la théorie Darwinienne de l'évolution des espèces biologiques, ils utilisent à la fois les principes de la survie des individus les mieux adaptés et ceux de la propagation du patrimoine génétique qui s'inspirent des mécanismes de sélection naturelle et des phénomènes génétiques tel que des mécanismes d'évolution de la nature : croisements, mutations, sélections, etc. Pour utiliser ces algorithmes, il faut disposer d'une population d'individus. Chaque individu dispose d'une chaîne chromosomique qui dirige son comportement. Cette chaîne s'apparente à l'ADN dans les organismes vivants. Comme dans les systèmes naturels, des croisements sont réalisés périodiquement et permettent à l'algorithme de créer la génération suivante d'individus, ainsi des mutations sont aussi effectuées. Ces mutations évitent à l'ensemble de la population de converger vers une solution qui ne serait pas optimale. Il existe plusieurs types de ces algorithmes mais l'idée essentielle est la même : simuler l'évolution d'une population dans un espace de recherche à l'aide de trois opérateurs: sélection, croisement, mutation. Malgré la simplicité du processus évolutionnaire, fabriquer un algorithme évolutionnaire efficace est une tâche difficile, car les processus évolutionnaires sont très sensibles aux choix algorithmiques et paramétriques. L'expérience a prouvé que les réussites les plus importantes sont fondées sur une très bonne connaissance du problème à traiter, et une compréhension délicate des mécanismes évolutionnaires. On distingue quatre grandes familles d'algorithmes évolutionnaires comme indiqué par la figure (2.1).

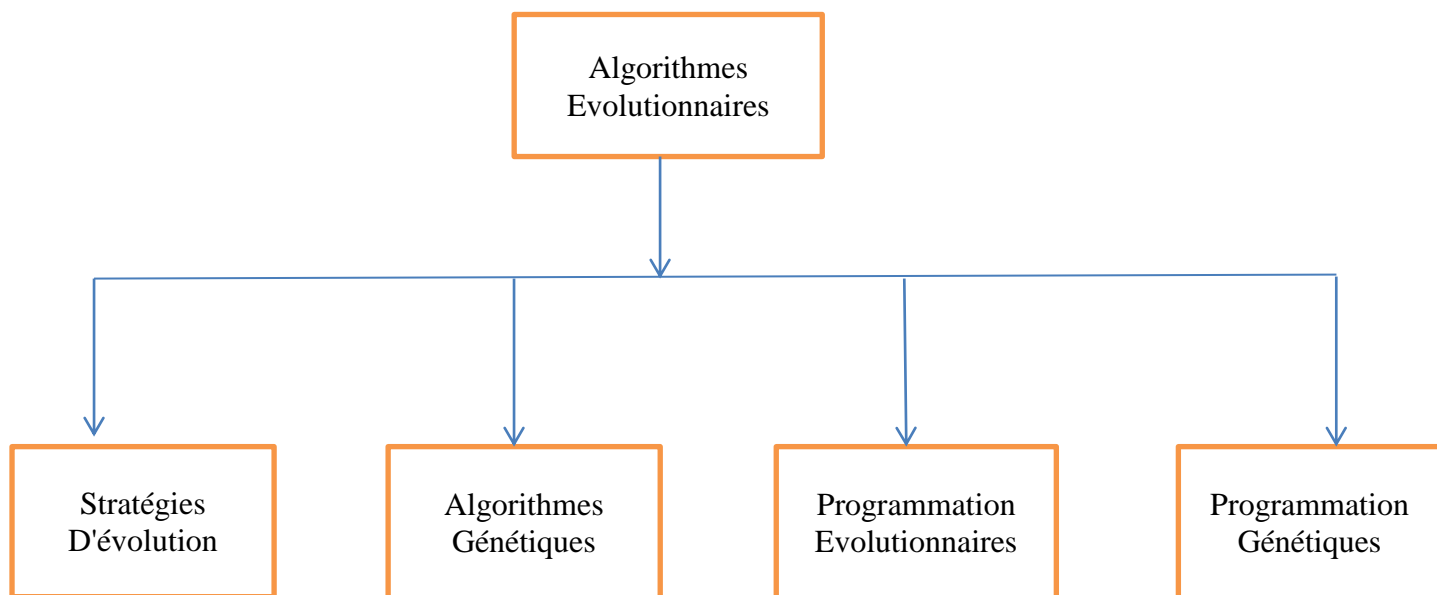


Figure 2.1: Différentes classes d'algorithmes évolutionnaires

II.2 .1 Les Stratégies d'Evolution (SE)

Développés par (Rechenberg et H.P. Schwefel, 1965, Berlin). Elles ont été développées pour résoudre des problèmes d'optimisation à variables réelles posés au milieu industriels et pour les quels n'existe pas de fonction objectif analytique; le contexte étant l'optimisation paramétrique. Ce sont les meilleurs algorithmes pour les problèmes purement numériques. Ce modèle de stratégies d'évolution utilise le principe de mutation sur les réels du modèle de la programmation évolutive avec un taux de mutation plus grand. Cette augmentation peut être interprétée par le fait que si la proportion de mutation réussie est élevée, l'espace de recherche exploré est limité autour d'un optimum local; il faut donc diversifier la population en augmentant le taux de mutation. Ces approches utilisent un opérateur de sélection de type déterministe, les solutions dont la fonction d'adaptation est mauvaise sont éliminées de la population. En outre, dans le modèle originel, les populations des parents et de leurs descendants sont généralement de taille différente.

II.2 .2 Programmation Evolutionnaire (PE)

Développés par (L.J. Fogel, 1964 et D.B. Fogel, 1991, 1995, Californie, USA). Ce modèle évolutionnaire accentue l'utilisation de la mutation et n'utilise pas dans sa version originale la recombinaison des individus par croisement. Développé à l'origine pour l'évolution des automates à état fini, ce modèle est souvent appliqué à la résolution de problèmes d'optimisation à variables réelles dans d'espaces de recherche très variés. L'idée consiste à faire subir des mutations importantes aux mauvais individus et des mutations faibles aux bons individus. L'opérateur de sélection est de type probabiliste.

II.2 .3 Programmation Génétique (PG)

Développés par (J. Koza, 1990, Californie, USA). Apparue initialement comme une extension du modèle d'apprentissage des algorithmes génétiques, ils sont devenus une branche à part entière (conférence, journal, ...). La (PG) permet de générer des fonctions informatiques à partir des principes évolutionnaires, la population est un ensemble de codes de base de programmes informatiques. La spécificité des (PG) est l'espace de recherche, Les individus formant une population sont donc des programmes candidats à la résolution d'un problème. Ces programmes sont exprimés sous la forme d'arbres sur lesquels les opérateurs génétiques produisent des transformations en vue d'obtenir un programme qui satisfaisant la résolution du problème choisi. Les (PG) cherchent à atteindre un des vieux rêves des programmeurs, faire écrire le programme par un autre programme.

Ces différentes classes d'algorithmes évolutionnaires ne diffèrent que sur les détails d'implantation des opérateurs et sur les procédures de sélection et remplacement de la population. Malgré que leur but soit différent à l'origine, ils sont maintenant surtout utilisés pour résoudre des problèmes d'optimisations [Terki, 2007].

Parmi ces méthodes nous avons utilisé les algorithmes génétiques :

II.3 Historique et Principe

Les algorithmes génétiques ont été développés par John Holland dans les années 1970 à l'université de Michigan. En 1975, ce savon introduit le premier algorithme génétique formel. Il explique comment faire évoluer un programme informatique avec les croisements et la mutation. Grace au livre écrit par D.E Goldberg en 1989, les AG sont connaitraient dans la communauté scientifique et nous devons leur popularisation, après la parution de puissants calculateurs dans les années 90, ils ont été marqué le début d'un nouvel intérêt pour cette technique d'optimisation. [Bouabdallah, 2012].

Le principe des AG est simple, comporte trois phases :

- 1- la genèse (l'initialisation aléatoire d'individus pour former la population de la première génération).
- 2- la reproduction (l'évolution des individus de la génération courante vers la suivante) :
 - la sélection des individus reproducteurs.
 - le croisement génétique de ces individus pour la création de nouveaux individus.
 - la mutation de certains individus pour que la création génétique ne s'affaiblisse pas.
 - l'évaluation des individus par le calcul de leur fonction d'adaptation.
- 3- Recherche de l'individu le plus adapté selon les critères souhaités. La solution sera représentée par le meilleur individu de la dernière génération. [Terki, 2007].

II.4 A quoi sert l'algorithme génétique ?

L'algorithme génétique résout des problèmes n'ayant pas de méthode de résolution décrite précisément ou dont la solution exacte, si elle est connue, est trop compliquée pour être calculée en un temps raisonnable. Ceci dit, face à un problème pour lequel il existe pour ainsi dire une infinité de solutions, plutôt que d'essayer naïvement toutes les solutions une à une pour trouver la meilleure, on va explorer l'espace des solutions en se laissant guider par les principes des algorithmes génétiques. [Zerrari, 2006].

II.5 Fonctionnement d'un AG

Les AG fonctionnent avec une population regroupant un ensemble d'individus appelés chromosomes. Chaque chromosome est constitué d'un ensemble de gènes. Pour chaque individu on attribue une valeur calculée par une fonction appelée fonction d'adaptation (fitness). En pratique, à partir d'une population, des chromosomes sont générés d'une façon aléatoire lors de l'initialisation. Pour définir la taille de la population, Man et al ont mentionné que cette taille varie d'un problème à un autre. Dans chaque cycle d'opérations génétiques, une nouvelle population appelée génération est créée à partir des chromosomes de la population courante. Pour cela certains chromosomes appelés « parents » sont sélectionnés afin d'élaborer les opérations génétiques. Les gènes de ces parents sont mixés et recombines pour la production d'autres chromosomes appelés « enfants » constituant la nouvelle génération. [Benahmed, 2002]. Un AG simple comporte les étapes suivantes :

II.5.1 Codage des chromosomes

C'est un moyen de coder les solutions d'un problème ou encore les individus. Chaque solution est constituée d'une chaîne de symboles appartenant à un alphabet à priori de petite taille. Le symbole a un rôle dans les algorithmes génétiques similaire au rôle du gène dans la génétique naturelle. Le choix d'un code doit tenir compte de la complexité du processus de codage/décodage qui peut ralentir les calculs et influencer considérablement la convergence de l'algorithme génétique. Historiquement, le codage utilisé par les algorithmes génétiques était présenté sous forme de chaînes de bits contenant toute l'information nécessaire à la description d'un point dans l'espace d'état. Ce type de codage a pour intérêt de permettre de créer des opérateurs de croisement et de mutation simples [Neggaz et Benyettou, 2007]. Cependant, ce type de codage n'est pas toujours bon comme le montrent les deux exemples suivants: Deux éléments voisins en termes de distance de Hamming ne codent pas nécessairement deux éléments proches dans l'espace de recherche. Pour des problèmes d'optimisation dans des espaces de grande dimension, le codage binaire peut rapidement devenir mauvais. Généralement, chaque variable est représentée par une partie de la chaîne de bits et la structure du chromosome n'a pas alors forcément la structure du problème. Les algorithmes génétiques utilisant des vecteurs réels évitent ces problèmes en conservant les variables du problème dans le codage de l'élément de population sans passer par le codage binaire intermédiaire. La structure du problème est conservée dans le codage. Il existe deux

types de difficultés pour le choix du codage. D'une part celui-ci doit pouvoir être adapté au problème de façon à limiter au mieux la taille de l'espace de recherche, et aussi de façon que les nouveaux individus engendrés par les opérateurs génétiques (croisement, mutation, ...) soient souvent les plus significatifs ; c.-à-d., qu'ils puissent coder des solutions valides en respectant les contraintes du problème à résoudre. Notons que le choix d'un codage approprié est un élément critique dont dépend grandement l'efficacité d'un algorithme génétique. [Benahmed, 12].

II.5.2 Initialisation de la population

La population initiale est constituée d'un ensemble d'individus (chromosomes) générés aléatoirement. Cependant rien n'empêche d'utiliser des résultats et des solutions existantes pour former la population initiale. En d'autres termes, un ensemble de solutions connues préalablement peut être injecté dans la population initiale. Le nombre d'individus d'une population ou la taille de la population constitue un paramètre important pour l'AG qu'il faudra déterminer. La représentation de la population P est : $P = (C_1, C_2, \dots, C_i, \dots, C_{\text{taille_pop}})$ où C_i représente le i ème chromosome dans la population et taille_pop représente le nombre de chromosomes dans la population.

II.5.3 Fonction d'évaluation (Fitness)

La fonction d'adaptation (fitness) est utilisée pour calculer le coût d'un point de l'espace de recherche, l'évaluation d'un individu ne dépendant pas de celle des autres individus. De plus, l'efficacité d'un algorithme génétique s'appuie pour une grande part sur la qualité de cette fonction. Cette procédure permet de s'assurer que les individus performants seront conservés, alors que les individus peu adaptés seront éliminés. Elle associe une valeur pour chaque individu. Cette valeur permet d'évaluer le degré d'adaptation d'un individu à son environnement. Les individus peuvent être aussi comparés entre eux. Lorsqu'il y a peu de paramètres, la fonction est souvent simple à formuler. Au contraire, lorsqu'il y a beaucoup de paramètres, elle est plus difficile à définir. Dans ce cas, la fonction devient une somme pondérée de plusieurs fonctions. La fonction d'adaptation doit exprimer le plus fidèlement possible, la problématique posée sous forme mathématique. Sa définition peut être simplement analytique, ou elle peut éventuellement faire appel au jugement de l'utilisateur. [Terki, 2007]. Dans le cas d'un problème de minimisation, la solution est associée à la plus petite valeur trouvée de la fonction calculée pour chaque individu de la population. Dans le cas d'une maximisation, alors la valeur la plus grande de la fonction sera prise en compte. [Benahmed, 2002].

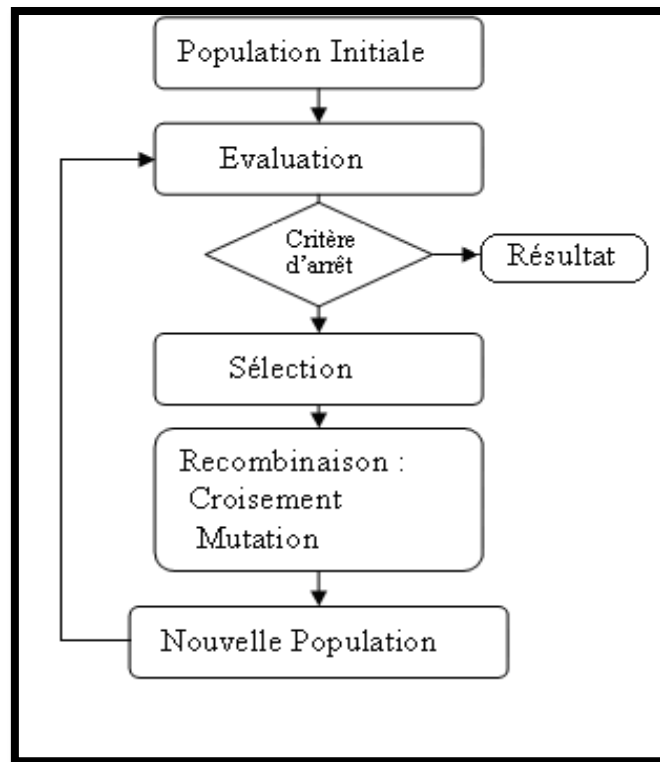


Figure2.2 : Organigramme d'un algorithme génétique [Baghli, 1999].

II.6 .Les opérateurs d'un AG

L'algorithme génétique de base comporte trois opérateurs simples : Sélection, Croisement, Mutation.

II.6.1 Sélection

Cet opérateur détermine la capacité de chaque individu à persister dans la population et à se diffuser. La probabilité d'un individu est liée à sa performance relative au sein de la population. Les individus ayant une grande performance relative sont sélectionnés alors que l'ayant une petite performance relative sont écartés. [Bouabdallah, 2012]. Les meilleurs éléments dans la sélection favorisent selon le critère d'optimisation (maximisation ou minimisation). Il existe plusieurs méthodes pour représenter la sélection.

Dans le cas d'un problème de maximisation (recherche d'un maximum de la fonction d'évaluation), Psi est donné par la formule :

$$Psi = fi / (\sum_{j=1}^N fi) \quad (1)$$

Où : f_i, f_j : sont respectivement les valeurs de la fonction d'adaptation pour les individus i et j .
 Dans le cas de minimisation : [Lassouni, 2004].

$$Psi = 1 - [fi / (\sum_{j=1}^N fi)] \quad (2)$$

Il existe de nombreuses techniques de sélection, les plus courantes seront évoquées dans la section suivante.

II.6.1.1 La sélection par classement

Elle consiste à ranger les individus de la population dans un ordre croissant (ou décroissant selon l'objectif) et à retenir un nombre fixé de génotypes. Ainsi, seuls les individus les plus forts sont conservés. L'inconvénient majeur de cette méthode est la convergence prématurée de l'algorithme génétique. Il est parfois nécessaire de garder quelques individus jugés faibles pour créer la diversité au niveau de la population. Une autre difficulté consiste à fixer une limite à la sélection ce qui empêche parfois de garder des bons candidats pour les futures générations.

II.6.1.2 La sélection par la roulette

Elle consiste à créer une roue de loterie biaisée pour laquelle chaque individu de la population occupe une section de la roue proportionnelle à sa valeur d'évaluation. Ainsi, même les individus les plus faibles ont une chance de survivre. Si la population d'individus est de taille égale à N , alors la probabilité de sélection d'un individu x_i notée $p(x_i)$ est égale à

$$P(x_i) = \frac{f(x_i)}{\sum_{k=1}^N f(x_k)} \quad (3)$$

En pratique, on calcule pour chaque individu sa probabilité cumulée et on choisit aléatoirement un nombre r compris entre 0 et 1.

$$qi = \sum_{j=1}^i p(x_j) \quad (4)$$

L'individu retenu est x_1 si $q_1 \geq r$ ou x_i ($2 \leq i \leq N$) si $q_{i-1} < r \leq q_i$. Ce processus est répété N fois. Avec une telle sélection, un individu fort peut être choisi plusieurs fois. Par contre, un individu faible a moins de chance d'être sélectionné. C'est cette sélection qui a été exclusivement utilisée dans ce mémoire.

II.6.1.3 La sélection par tournoi

Elle consiste à choisir aléatoirement deux ou plusieurs individus et à sélectionner le plus fort. Ce processus est répété plusieurs fois jusqu'à l'obtention de N individus. L'avantage d'une telle sélection est d'éviter qu'un individu très fort soit sélectionné plusieurs fois. [Zerrari, 2006].

II.6.2 Croisement

Le croisement permet de produire deux nouveaux individus (enfants) à partir de deux individus (parents). Par exemple, le croisement bi-points consiste à choisir aléatoirement deux points de croisement et à échanger les segments des deux parents déterminés par ces deux points. Le croisement réalise donc uniquement des recombinaisons de valeurs (gènes) existantes entre deux parents et ne permet pas d'introduire de nouvelles valeurs dans les individus enfants. Pour cela, on applique la mutation. Il existe trois types d'opérateurs de croisement :

II.6.2.1 Le croisement à un point

Consiste à choisir aléatoirement une position de coupure L qui commence de 1 jusqu'à $n-1$. Si les parents sont sélectionnés alors les enfants sont construites.

II.6.2.2 Le croisement à deux points

Les enfants sont produits en échangeant l'information chromosomique entre les deux points de coupure.

II.6.2.3 Le croisement uniforme

Une chaîne de bits est générée aléatoirement pour engendrer les enfants. Pour chaque position, le choix aléatoire indique quel parent déterminera la valeur des enfants. [Lassouni, 2004].

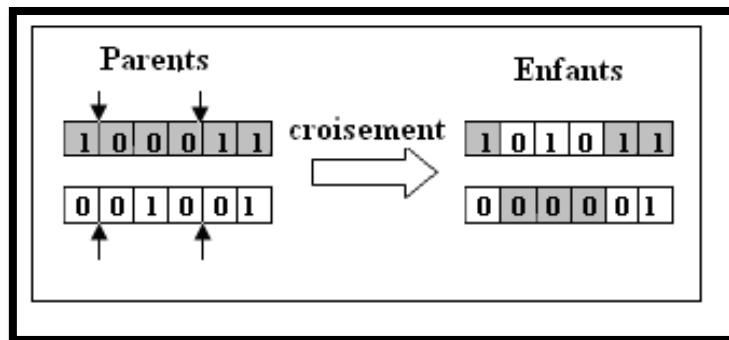


Figure 2.3 : Croisement avec deux points [Kartobi, 2006].

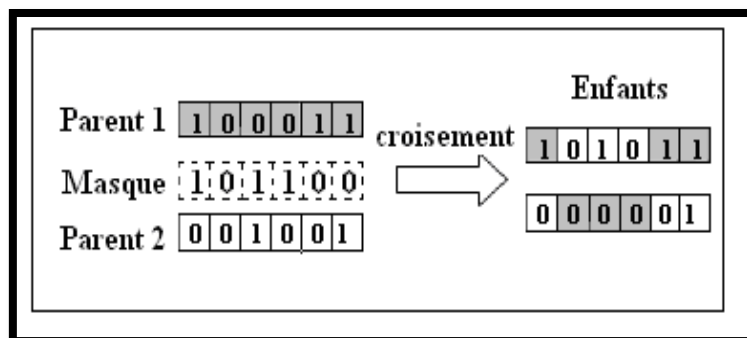


Figure 2.4 : Croisement Uniforme [Kartobi, 2006].

II.6.3 Mutation

Une autre solution que le croisement pour créer de nouveaux individus est de modifier ceux déjà existants. Une fois de plus, le hasard va nous être d'une grande utilité. Il peut s'avérer efficace de modifier aléatoirement quelques individus de notre population en en modifiant un gène ou un autre. Rien ne nous dit que l'individu muté sera meilleur ou moins bon, mais il apportera des possibilités supplémentaires qui pourraient bien être utiles pour la création de bonnes solutions. De même que pour les croisements, il n'est pas recommandé de faire muter tous les individus.

Il est possible de faire muter un individu de la manière qu'il vous plaira. Une seule contrainte : l'individu muté doit être de la forme d'une solution potentielle. Généralement, on ne modifie qu'un gène pour passer d'une solution à une autre solution de forme similaire mais qui peut avoir une évaluation totalement différente comme on illustre la figure (2.4).

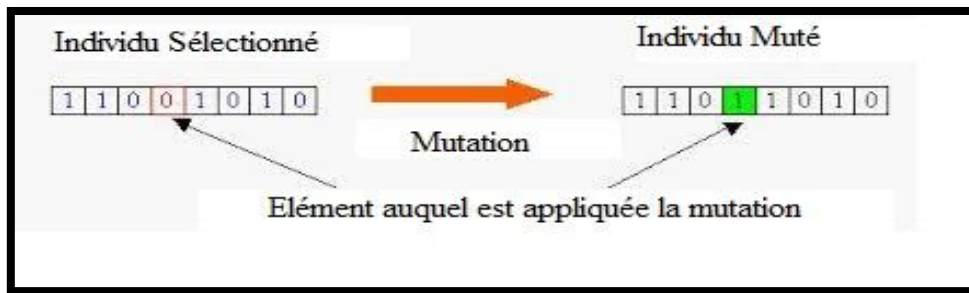


Figure 2.5: Une Mutation [6].

L'opérateur de mutation apporte aux algorithmes génétiques la propriété d'ergodicité de parcours d'espace. Cette propriété indique que l'algorithme génétique sera susceptible d'atteindre tous les points de l'espace d'état, sans pour autant les parcourir tous dans le processus de résolution. Sur le plan théorique, les propriétés de convergence des algorithmes génétiques sont fortement dépendantes dans cet opérateur. D'autre part, elle assure une recherche locale aléatoire autour de chaque individu.

II.7 Les paramètres d'un AG

II.7.1 La taille de la population

Les conditions de convergence changent avec la taille de la population ; lorsque celle-ci est grande, sa diversité augmente ce qui diminue la convergence vers un optimum local, le temps d'exécution de chaque génération augmente, la recherche risque de s'effectuer d'une façon redondante et l'efficacité de l'algorithme est globalement affectée. Par contre, si la taille de la population est petite, alors la probabilité de s'attarder sur des minima locaux est grande. La taille selon le cas se situe entre 25 et 100.

II.7.2 Le taux de croisement

Il détermine la proportion des individus qui sont croisés parmi ceux qui remplaceront l'ancienne génération. L'opérateur de croisement est appliqué avec une probabilité P_c , et plus cette valeur est élevée plus de nouvelles structures (individus) sont introduites dans la nouvelle génération, les structures performantes sont trop fréquemment détruites. Par contre, si ce taux est trop bas, la population n'évolue pas assez vite. En général, P_c varie entre 0.25 et 0.70.

II.7.3 Le taux de mutation

L'opérateur de mutation est appliqué avec une probabilité P_m ; si ce taux est grand alors la recherche devient purement aléatoire, la population est diversifiée et l'AG perd de son efficacité. Si au contraire ce taux est faible, la population est moins diversifiée et en plus il y a risque de stagnation. Des études empiriques conseillent pour l'obtention de bons résultats une fréquence qui se situe autour d'une mutation tous les 1000 bits. A noter que ces paramètres dépendent étroitement du type de problème à résoudre.

II.7.4 Le fossé des générations

K. DE JONG (Syswerda, 1989) a proposé de ne pas remplacer l'ensemble de la population à chaque génération et pour cela, il a introduit la notion d'écart entre les générations, un nombre compris entre 0 et 1 qui indique la proportion de parents qui sont remplacés par leurs descendants. Si ce taux est à 1, l'ensemble de la population est remplacé.

II.8 Le codage

Le codage est une partie très importante des algorithmes génétiques. Chaque paramètre d'une solution est assimilé à un gène, il permet de représenter l'individu par un ensemble de chromosomes, et une population est un ensemble d'individus. Il existe plusieurs types de codage utilisables, on citera : codage binaire, codage réel, codage de Gray.

II.8.1 Le codage binaire

Il a démontré par Holland et Goldberg et permet de représenter le chromosome en une chaîne binaire. Un chromosome est un ensemble de gènes qui représenté par un tableau de gènes. Un gène est un entier long de Kbits. Un individu est représenté par un tableau de gènes et la population par un tableau d'individus. Un des avantages de ce codage est codé de manière facile toutes sortes d'objets : réels, entiers, valeurs booléennes, chaînes de caractères... etc.

II.8.2 Le codage réel

Pour certain problème d'optimisation, il est plus pratique d'utiliser un codage réel des chromosomes. Un gène est ainsi représenté par un nombre réel au lieu d'avoir à coder les réels en binaire puis de les décoder pour les transformer en solutions effectives. Le codage réel permet d'augmenter l'efficacité de l'algorithme génétique et d'éviter des opérations de décodage supplémentaires. En effet, un chromosome codé en réels est plus court que celui codé en binaire [Zerari, 2006].

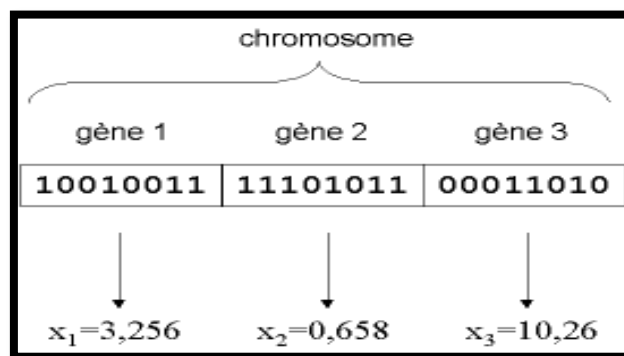


Figure 2.6: illustration schématique du codage des variables réelles [Rouet, 1999]

II.8.3 Le codage de Gray

Le codage de Gray est un codage qui a comme propriété qu'entre un élément n et un élément $n+1$, donc voisin dans l'espace de recherche, un seul bit diffère. On utilise ce codage pour éviter l'inconvénient du codage binaire qui est : deux éléments voisins en termes de distance de Hamming ne codent pas nécessairement deux éléments proches dans l'espace de recherche. . Pour créer les chromosomes de la nouvelle population, on fait appel aux mécanismes de croisement et de mutation.

II.9 Critère d'arrêt

Les étapes de l'AG sont répétées durant Tcycles, l'arrêt de l'algorithme est fixé d'après arrivé à satisfaction d'une condition Fin. En pratique l'utilisateur déclare un nombre de génération maximum. Lorsque tous les individus d'une même population sont des copies d'un même individu, la recherche peut être stoppée. On dit alors qu'il y a « perte de diversité génétiques ». Les critères d'arrêt se résument en :

1. Arrêt après un nombre de générations fixé à priori.
2. Arrêt lorsque la population cesse d'évoluer ou en présence d'une population homogène. [Zerari, 11].

II.10 Conclusion

Les algorithmes génétiques reprennent la théorie de Darwin, sélection naturelle de variations individuelles, les individus les plus adaptés tendent à survivre plus longtemps et à se reproduire plus aisément. L'amélioration de la population est très rapide au début (recherche globale), de plus en plus lente à mesure que le temps passe (recherche locale). La convergence est la valeur moyenne de la fonction d'adaptation à tendance à se rapprocher de celle de l'individu le plus adapté, uniformisation croissante de la population. Le temps de calcul des algorithmes génétiques croît en $(n \cdot \ln(n))$, n étant le nombre de variable

Chapitre III

Résultats Et Interprétations

III.1 Présentation

Ce chapitre présente les différentes interfaces de l'application réalisée par la programmation de l'algorithme génétique sous Matlab, ainsi que l'interprétation des résultats obtenus de la classification des arythmies cardiaques.

III.2 Environnement de développement

III.2.1 Environnement du matériel

Pour développer cette application on a utilisé une machines, configurées comme suit :

- Processeur : Intel(R) Celeron(R) CPU N2840.
- Vitesse du processeur : 2.16 GHz.
- Disque dur : 500Go
- Mémoire 2,00 Go(RAM).

III.2.1 Environnement de travail

On a choisi comme environnement de travail le Microsoft Windows 7, grâce à sa facilité d'utilisation, sa rapidité, et aussi il est pleins de fonctionnalités. Windows7 est nécessaire pour les programmeurs et les professionnels de l'informatique, il résolve les problèmes automatiquement.

III.3 Les outils de développement

III.3.1 Choix de logiciel

Nous avons utilisé dans la réalisation de notre application« Matlab Version : R2011a»car est un logiciel commercial de calcul interactif. Il permet de réaliser des simulations numériques basées sur des algorithmes d'analyse numérique. Il peut donc être utilisé pour la résolution approchée d'équations différentielles, d'équations aux dérivées partielles ou de systèmes linéaires. Il Aidez-nous à écrire les codes de programmation.

III.3.2 La base de données

La source de l'ECG inclus dans la base de données d'arythmies MIT/BIH est un ensemble de 48 enregistrements échantillonnés à une fréquence de 360 Hz. Chaque enregistrement comporte deux dérivations différentes du signal ECG. La base de données contient 23 enregistrements numérotés entre 100 et 124 pour le premier groupe; et de 25 enregistrements numérotés entre 200 et 234 pour le deuxième groupe. La durée de chacun des 48 enregistrements est de 30 minutes. Le premier groupe est prévu pour servir d'échantillon représentatif de variété de formes d'ondes qu'un détecteur d'arythmie pourrait rencontrer dans l'utilisation clinique courante; tandis que le deuxième groupe est choisi pour inclure une

variété de cas pathologiques. Les sujets étaient 25 hommes âgés de 32 à 89 ans, et 22 femmes âgées de 23 à 89 ans. Les enregistrements de MIT/BIH sont tous annotés; ce qui veut dire que chaque battement (complexe QRS) est décrit par une étiquette (annotation). Typiquement, un fichier d'annotation pour un enregistrement MIT/BIH contient environ 2000 annotations [1].

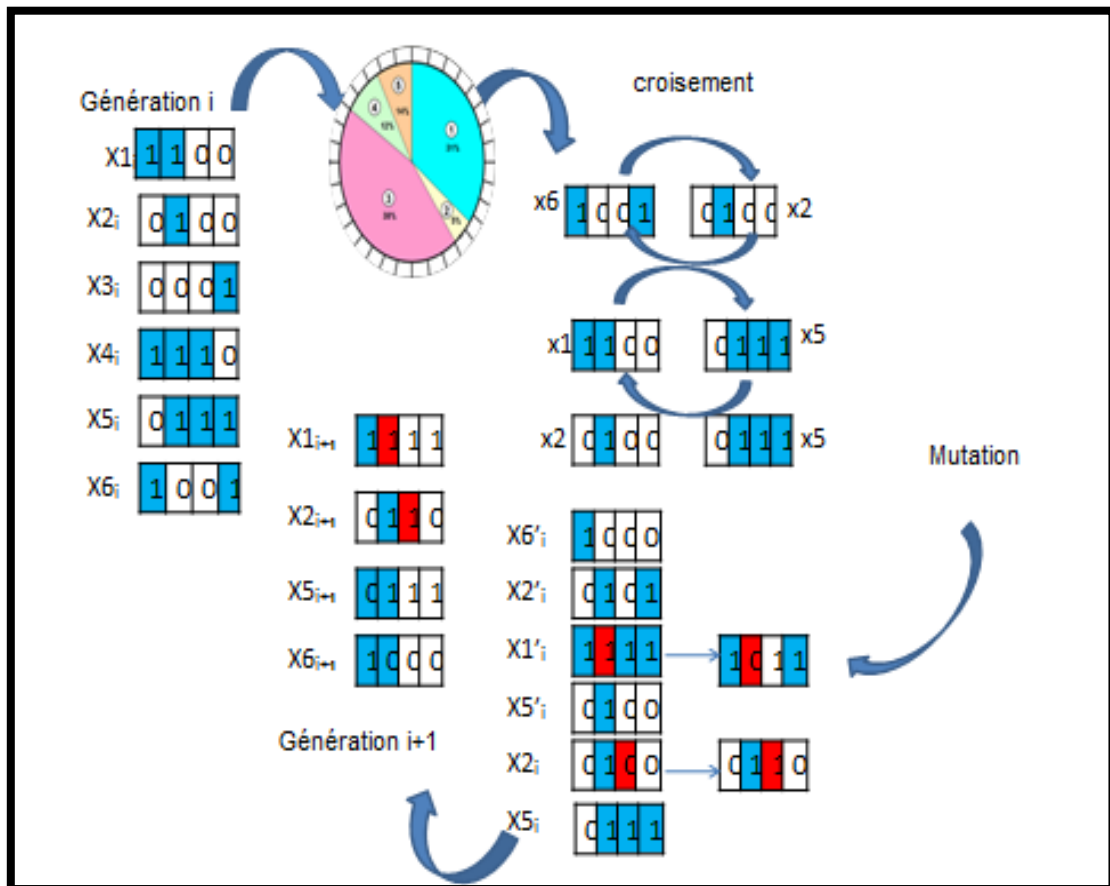


Figure 3.1 : Modélisation de la base de données.

Nous avons pris l'ensemble des cycles cardiaques que contient un patient (cycles normaux, cycles ventriculaires), et nous avons fait correspondre à chaque ligne de la base de données MIT-BIH un individu, ceci veut dire que les points caractéristiques représentant le cycle ECG (l'onde P, longueur QRS, temps PP,....) sont codées d'une façon binaire, pour pouvoir faire une sélection par roulette en conservant les meilleurs cycles cardiaques (figure 3.1), puis nous faisons un croisement entre les cycles sélectionnés dont le but est de générer de nouveaux cycles pour la phase de mutation. En précisant que ces derniers appartiennent au même patient, dont l'objectif est de minimiser la taille de la base de données MIT-BIH, et de la rendre par la suite optimisée.

III.4 Implémentation de l'algorithme génétique sous Matlab

III.4.1 Structure du programme

Le programme est écrit sous Matlab est composé de trois scripts (fichiers). Deux de ces scripts, c'est-à-dire (linear_constraint.m) et (vectorized_fitness.m) sont à modifier pour une simple utilisation du programme. Le troisième c'est le script principal (Application.m) qui contient l'appel de l'algorithme génétique du Toolbox. Celui-ci permet d'obtenir de très bons résultats et dans un temps raisonnable. Il existe un transfert d'information important entre l'algorithme génétique et les deux scripts (linear_constraint.m) et (vectorized_fitness.m). Au cours de chaque génération, l'algorithme fait appel N fois à ces deux scripts pour évaluer chaque individu à la fois. Les valeurs transmises à ces deux scripts sont sous la forme vectorielle dont la taille dépend du nombre de variable réelle utilisée. Les valeurs retournées par les deux fonctions Matlab sont un nombre de deux vecteurs, un premier pour les évaluations et un deuxième pour les contraintes. Leur dimension dépend du nombre de fonction d'évaluation et du nombre des contraintes nécessaires.

III.4.1.1 Le script (Application.m)

Les lignes du code suivant se trouvent dans le script (Application.m). Elles permettent de configurer le nombre de variables, l'appel de la fonction d'évaluation (fitness) et les contraintes, en appliquant le codage binaire des cycles cardiaques, que sa soit pathologiques ou normaux, pour faire par la suite le croisement et la mutation des cycles afin d'obtenir une base de données optimisée, et de pouvoir faciliter l'analyse du signal ECG par les experts du domaine cardiologique.

```
208 function Optimiser(~, ~)
209
210     nvars = 11;           % nombre de variables
211     [mi, loc] = min(mat); % minimum de la matrice
212     [ma, loc] = max(mat); % maximum de la matrice
213
214     LB = mi;           % Lower bound pour les contrainte non linéaire
215     UB = ma;           % Upper bound pour les contrainte non linéaire
216
217     % contrainte lineaire de forme Aeq*X <= Beq
218     Aeq = [1 1 2 -1 0 3 2 1 0 1 ...
219           ; 1 1 2 -1 0 3 2 1 0 1 ; ...
220           1 1 2 -1 0 3 2 1 0 1];
221
222     Beq = [2; 2; 3];
223
224     %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%% appel de la fonction fitness %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
225     ObjectiveFunction = @(mat) vectorized_fitness(mat,100,1);
226
227     %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%% appel du fichier des contraintes %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
228     ConstraintFunction = @(mat)linear_constraint (mat);
229
230     %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%% appel de l'algorithme génétique %%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
231     [x, fval, exitflag, output, population, scores] = ga(ObjectiveFunction, ...
232                                                         nvars, [], [], [], [], Aeq, Beq);
233                                                         %ConstraintFunction);
234
```

Figure 3.2: lignes du code de la fonction "Optimiser".

III.4.1.2 Le script (vectorized_fitness.m)

Les lignes du code suivant se trouvent dans le script (vectorized_fitness.m). Elles permettent de configurer la fonction d'évaluation (fitness), qui permet a son tour de trouver les cycles cardiaques performants qui seront par la suite conservés, alors que les cycles peu adaptés seront éliminés. Elle associe une valeur pour chaque cycle cardiaque. Cette valeur permet d'évaluer le degré d'adaptation d'un cycle à son environnement (soit normal, ou pathologique).

```
1 function y = vectorized_fitness(x,a,b)
2     % la fonction d'évaluation (fitness).
3     y = a * (x(:,1).^10 - x(:,3).^9 - x(:,4).^8 ...
4           - x(:,5).^7 - x(:,6).^6 - x(:,7).^5 ...
5           - x(:,8).^4 - x(:,9).^3 - x(:,10).^2 ...
6           - x(:,11).^2 + (b - x(:,1)).^2;
```

Figure 3.3: lignes du code de la fonction d'évaluation "fitness"

III.4.1.3 Le script (linear_constraint.m)

Ces lignes du code se trouvent dans le script (linear_constraint.m), permettant de configurer les contraintes linéaires, du moment que nous traitons dans notre projet un problème linéaire qui se résume en deux classes (La classe Normale, et La classe Ventriculaire dont les cycles cardiaques sont de nature Extrasystolique Ventriculaire), ceci dit que les contraintes sont représentées sous forme matricielle (Figure 3.3).

```
1 function [Aeq, Beq] = linear_constraint(~)
2     % Contrainte linéaire de forme A.x <= B.
3     Aeq = [1 1 2 -1 0 3 2 1 0 1 ; ...
4           1 1 2 -1 0 3 2 1 0 1 ; ...
5           1 1 2 -1 0 3 2 1 0 1];
6
7     Beq = [2; 2; 3];
```

Figure 3.4: lignes de code de la fonction des contraintes.

III.5 Description de l'interface

III.5.1 Le menu

La réalisation technique commence par la présentation de la fenêtre principale, il s'agit de ce que voit l'utilisateur (un Menu) qui comporte trois items horizontaux (Fichier, Optimisation,

Aide), représentant les différents traitements applicables, commençant par le chargement et l'affichage de la base de données ensuite l'optimisation des données et enfin l'aide concernant l'application.

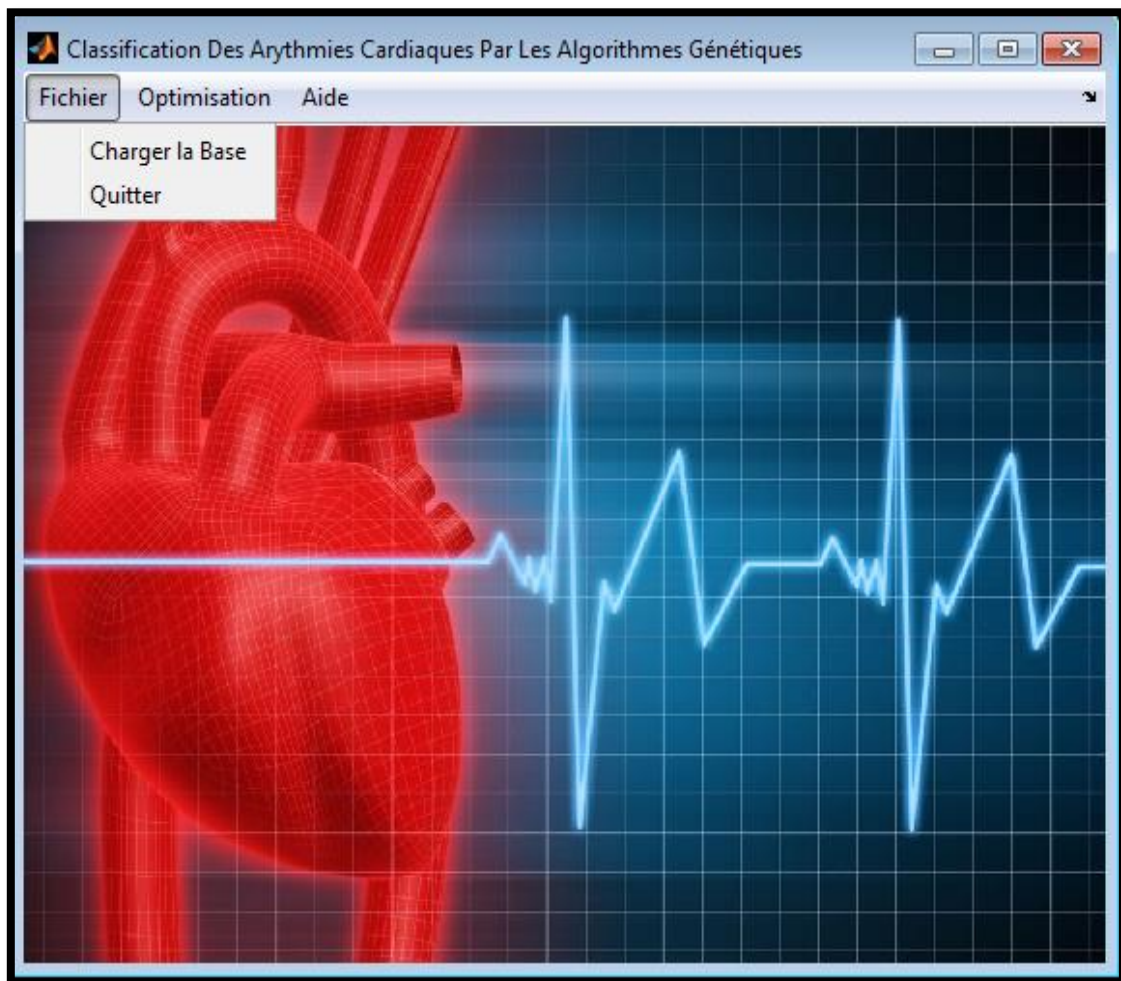
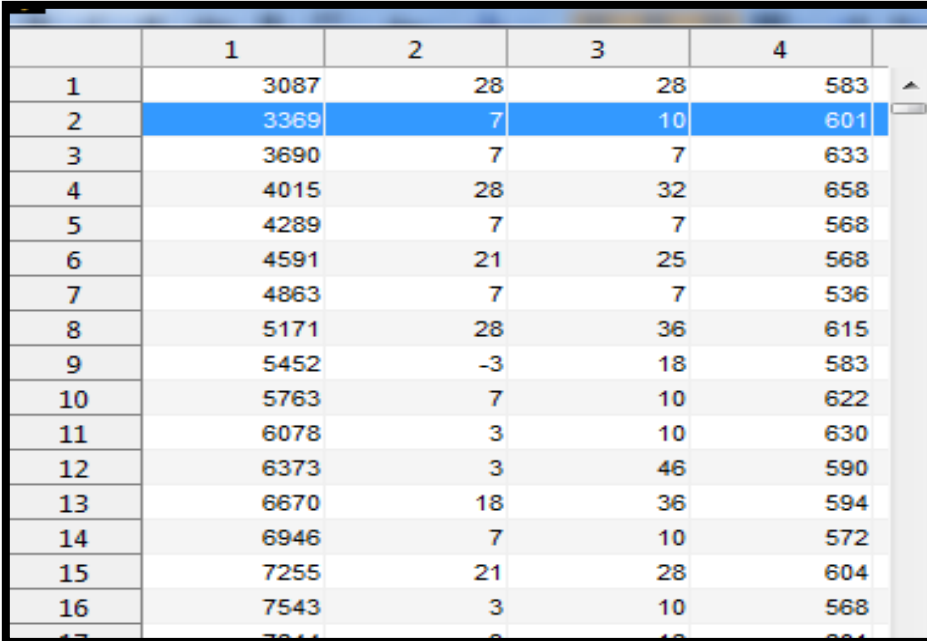


Figure 3.5: Représentation de la fenêtre principale.

III.5.2 L’Affichage de la base de données



	1	2	3	4	
1	3087	28	28	583	▲
2	3369	7	10	601	▬
3	3690	7	7	633	
4	4015	28	32	658	
5	4289	7	7	568	
6	4591	21	25	568	
7	4863	7	7	536	
8	5171	28	36	615	
9	5452	-3	18	583	
10	5763	7	10	622	
11	6078	3	10	630	
12	6373	3	46	590	
13	6670	18	36	594	
14	6946	7	10	572	
15	7255	21	28	604	
16	7543	3	10	568	
17	7811	8	18	584	

Figure 3.6: Représentation de la fenêtre de l’affichage de la base de données.

Chaque ligne de la base de données correspond à un cycle Electrocardiogramme du patient en cours, la (Figure 3.6), nous montre les différents points caractéristiques qui peut avoir un cycle cardiaque.

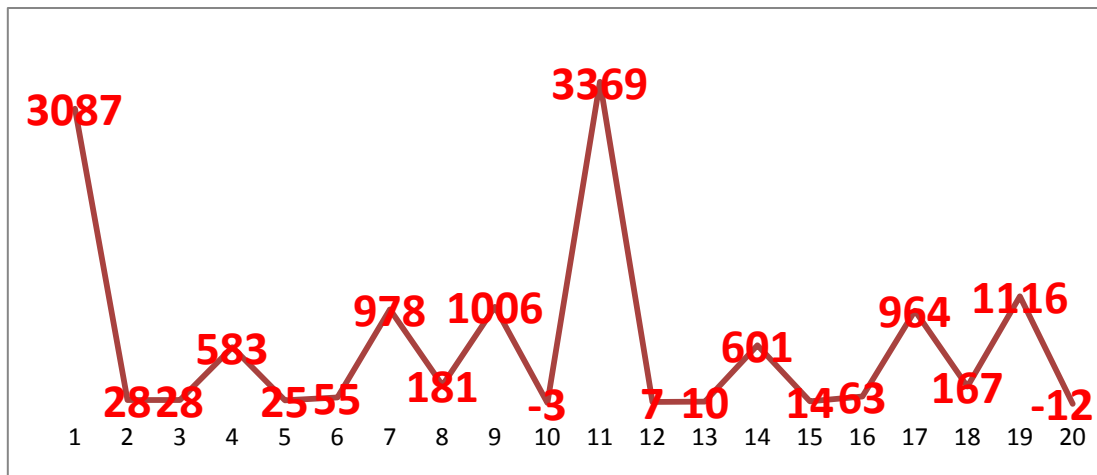


Figure 3.7: Représentation des caractéristiques du signal ECG.

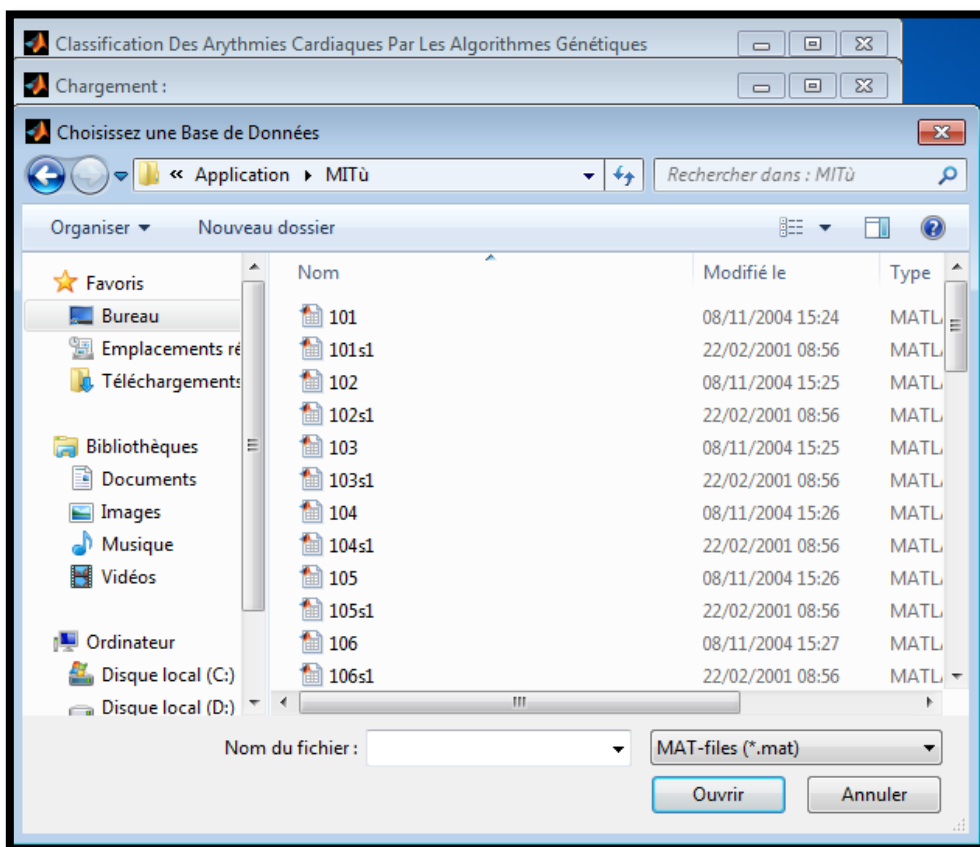


Figure 3.8: Représentation de la fenêtre du choix de la base de données.

Au niveau de cette fenêtre (Figure 3.7), l'utilisateur peut choisir le patient qu'il veut examiner, pour voir si ce dernier présente des risques cardiaques ou, s'agit-il d'un patient normal.



Figure 3.9: la fenêtre de l’affichage du signal ECG contenu dans la base MIT-BIH.

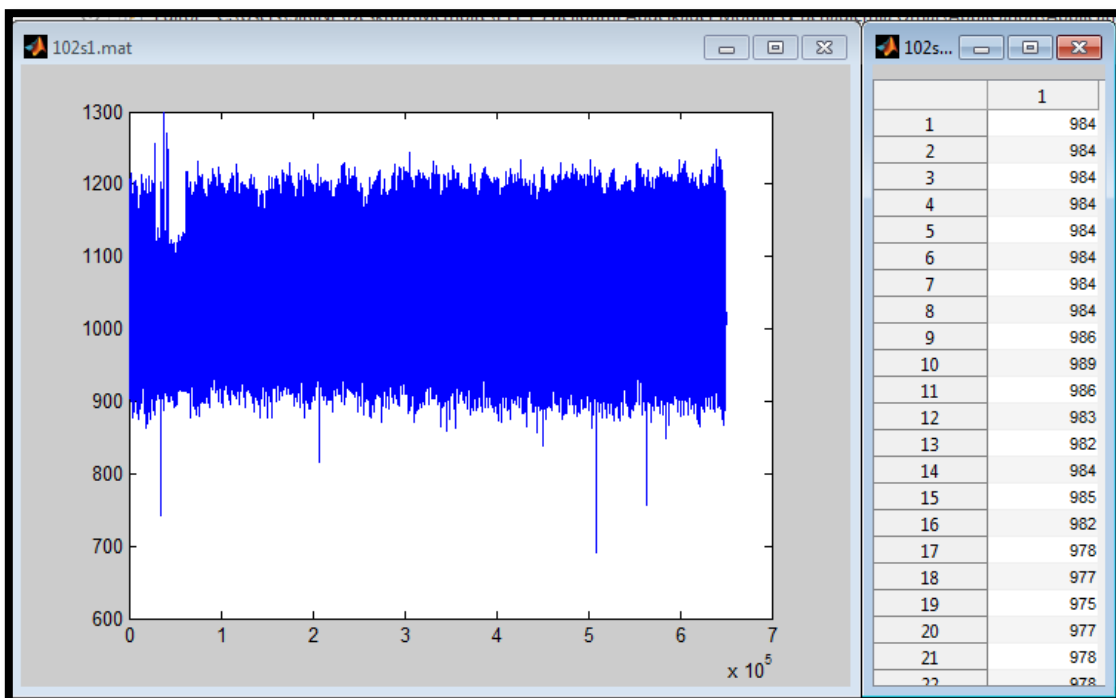


Figure 3.10: Affichage de la base de données enregistrée sur 48 heures.

III.5.3 L'optimisation de la base de données

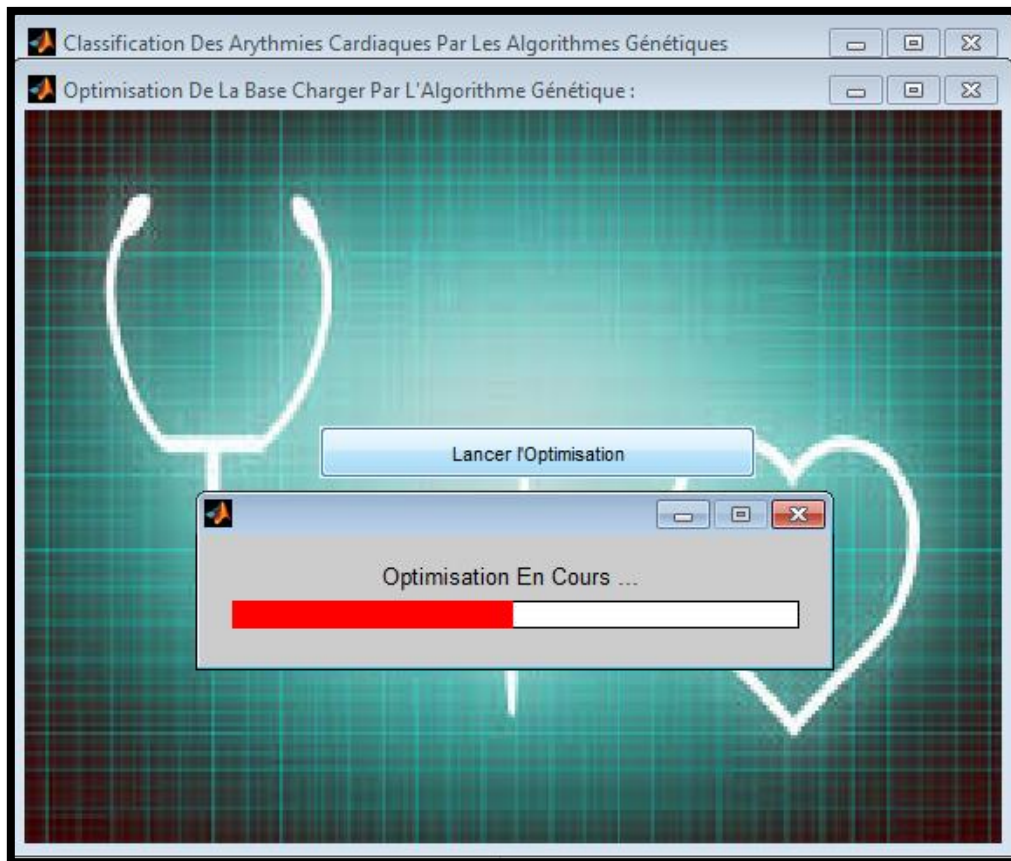


Figure 3.11: Représentation de la fenêtre d'optimisation de la base de données.

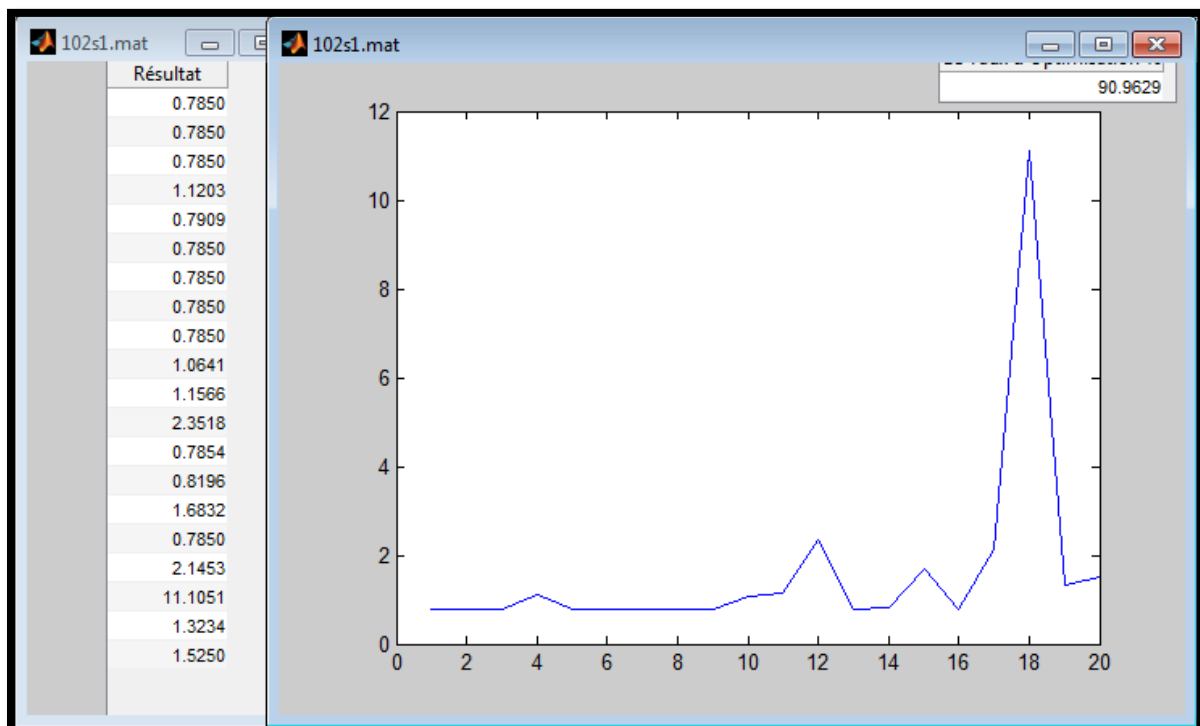


Figure 3.12: Représentation des résultats obtenue après optimisation des données du patient.

III.5.4 Résultat

Dans notre expérimentation nous avons programmé une application qui permet d'optimiser les différentes ondes d'un signal ECG à partir d'un très grand nombre d'annotations, ce qui rend la tâche du diagnostic très lourde, la présente application a donné un taux d'optimisation de 88%, un résultat pertinent, du moment que les données ont pu être réduites, et ce qui permet aux médecins de mieux analyser le signal ECG, et de donner un bon diagnostic de la pathologie concernée.

III.6 Conclusion

Nous avons appliqué l'algorithme génétique sur la base de données MIT-BIH du laboratoire de l'hôpital de Beth Israël et du Mach Institut Technologie. En se focalisant sur la fonction Fitness utilisée et les contraintes associées ensuite sur l'interprétation des à la séparation linéaire de notre problème.

Conclusion Générale

Le travail réalisé dans ce mémoire concerne la présentation d'une méthode d'optimisation des données cardiaques, à partir des enregistrements longue durées du signal ECG.

Les algorithmes génétiques sont une technique de recherche qui comporte une grande part dans l'optimisation grâce à leur simplicité, rapidité d'exécution et leur facilité d'implémentation.

Notre application nous a donné un taux d'optimisation égale à 88%, ce qui permet d'aider le médecin à visualiser le signal Electrocardiogramme de son patient, sans qu'il soit dans l'obligation de voir l'ensemble de ses signaux ECG enregistrés pendant une période de 48 heures.

Références bibliographiques

[Rouet, 1999] Rouet J M, « Recalage 3D élastique multimodalité par optimisation génétique », Thèse de doctorat, université de Rennes 1 France.

[Baghli, 1999] Baghli L, « Contribution à la commande de la machine asynchrone : utilisation de la logique floue, es réseaux neurones et des algorithmes génétiques », Thèse de doctorat, Université Henri Poincaré de Nancy, faculté des sciences.

[Benahmed, 2002] Benahmed N, « Optimisation de réseaux de neurones pour la reconnaissance de chiffres manuscrits isolés : sélection et pondération des primitives par les algorithmes génétiques », Mémoire fin d'étude, Université de Québec, école technologie supérieur.

[Zipes, 2004] Zipes D.P, « Cardiac electrophysiology: from cell to bedside, W.B.Saunders and company, Philadelphia.

[Etienne, 2003] Etienne P, « Comprendre la physiologie cardiovasculaire » Flammarion, médecine-Sciences.

[Jean , 2003] Jean S, « guide pratique de l'ECG », Edition estem.

[Mackay, 2004] Mackay J, « The atlas of hearthDiseas and strock », organisation Mondiale de la santé.

[Lassouni, 2004] Lassouni N, « Les algorithmes génétiques : application à la segmentation des images », Ecole nationale polytechniques, laboratoire signal et communications de El-Harrach, Alger.

[Nicolas, 2004] Nicolas D, « Algorithmes génétiques et autres outils d'optimisation appliquées à la gestion de trafic aérien ».

[Zerrari, 2006] Zerrari N, « Les algorithmes génétiques en maintenance », mémoire fin d'étude, Université Hadj Lakhdar de Batna, faculté des sciences de l'ingénieur, département de génie industriel.

[Kartobi, 2006] Kartobi L, « Optimisation de la synthèse des facts par les algorithmes génétiques et les essais particulaire pour le contrôle des réseaux électriques», Ecole nationale polytechniques, laboratoire de recherche en électronique de El-Harrach, Alger.

[Terki, 2007] Terki A, « Analyse des performances des algorithmes génétiques utilisant différentes techniques de la population », Mémoire fin d'étude, Université Mentouri de Constantine, faculté des sciences de l'ingénieur département d'électronique.

[Taboulet, 2009] Taboulet P, « l'ECG de A à Z », Livre publié chez Vigot-Maloine (Ed. 2010) ISBN :978-2-224-03101-5.

[Talbi, 2011] Talbi M.L, « Analyse et traitement du signal électrocardiographique (ECG) », Thèse de doctorat, Université Mentouri de Constantine, faculté des sciences de l'ingénieur département d'électronique.

[Bouabdallah, 2012] Bouabdallah A, « Application des algorithmes génétiques au dispatching économique et environnement », Mémoire fin d'étude, Université Mohamed Khider de Biskra, faculté des sciences et de la technologie département de génie électrique.

[Amar, 2012] Amar B, « Classification des signaux ECG avec un système_multi_agent neuronale », Mémoire fin d'étude, Université Abou BakrBelkaid de Tlemcen, faculté des sciences, département d'informatique.

[Belloumi, 2013] Belloumi M, Kaid Slimane B « Classification des arythmies cardiaques par les algorithmes génétiques », Mémoire fin d'étude, Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, faculté des sciences exactes et d'informatique, département d'informatique.

[1] [http : //www-santé.ujfgrenoble.fr/SANTE/CardioCD/Cardio/index.html](http://www-santé.ujfgrenoble.fr/SANTE/CardioCD/Cardio/index.html).

[2] http://sofia.medicalistes.org/spip/IMG/pdf/La_fibrillation_ventriculaire_nouveaux_defibrillateurs.pdf

[3] <http://tpe-1ere9s.e-monsite.com/medias/images/activite-electrique-du-coeur.png>

[4] [http : // www.fedecardio.com](http://www.fedecardio.com)

[5] [http:// www.e-Cardiogram.com](http://www.e-Cardiogram.com)

[6] [http:// nelly.babin.free.fr](http://nelly.babin.free.fr)