

Notice d'utilisation scripts

Analyse de la cinématique et des synergies de l'épaule dans le cadre d'une arthroplastie totale inversée d'épaule

1) Introduction

Ce document a pour but d'expliquer l'ensemble des scripts et des fonctions MATLAB construites et utilisées pour l'analyse quantifiée de l'épaule de patients sains, pathologiques (rupture massive de la coiffe des rotateurs (RMCR)) et post-opératoire (arthroplastie totale inversée de l'épaule (ATI)). Chaque patient a passé un examen clinique qui demandait la réalisation de 4 mouvements fonctionnels et analytiques trois fois chacun.

Six dossiers (cf. Figure 1) ont été créés pour remplir différentes fonctions d'analyses :

- 1) Synergies : préparation des données électromyographique (EMG) pour l'analyse des synergies (SYN)
- 2) Electromyography : analyse EMG
- 3) Kinematic : analyse cinématique (KIN)
- 4) Clustering : rassemblement des données pour créer des groupes avec des caractéristiques similaires
- 5) Mean profil : création des profils moyens représentatifs des groupes pour SYN, EMG et KIN
- 6) Individual analysis : analyse individuelle pour SYN, EMG et KIN

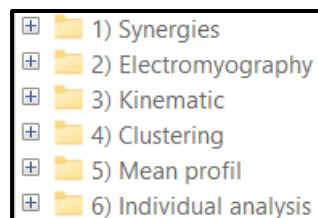


Figure 1 : Arborescence des fichiers

2) Synergies

Ce premier dossier contient deux parties (cf. Figure 2) : « Solo functional » et « Main functional ». L'objectif est de traiter les signaux EMG, les découper en cycles et les regrouper dans une matrice qui sera passé dans un algorithme pour extraire les synergies.

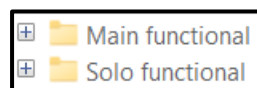


Figure 2 : Composition du dossier 1) Synergies

« Solo functional » : pour un mouvement fonctionnel, il va traiter les signaux EMG, les découper en trois cycles (trois mouvements) et les regrouper dans une matrice.

Il contient dix fonctions et un fichier main (cf. Figure 3).

Paramétrage

- initializeParameters : regroupe tous les paramètres et configurations tels que les muscles, les labels des tâches, le traitement de données, l'assignation des tâches analytiques (pour la normalisation des tâches fonctionnels) et la séparation des données en 3 cycles.

Traitement

- calculateMVC : normalise les données pour le sujet et les muscles selon la tâche analytique assignée à chaque muscle en prenant la moyenne des cinq valeurs les plus hautes du signal RMS analytique (normalisation par une tâche sous-maximale standardisée)

- processEMGSignal : traitement des données pour un muscle

- all_functional_data : traitement des données fonctionnelles pour un sujet

Calcul et assemblage des cycles

- detectMovementCycles : détecte les cycles en basant sur le marqueur RHLE (épicondyle latéral du coude)

- identifyCycles : identifie les trois cycles pour chaque mouvement

- mergeCycles : fusionne les cycles ensemble

Affichage des cycles

- plotCycleDetection : visualise la détection des cycles de mouvement

- plotCycleSequence : visualise l'enchaînement des cycles pour tous les muscles

Affichage et sauvegarde de la matrice finale des données EMG traitées

- saveDataMatrix : affiche et sauvegarde la matrice finale

Le script « main_synergies_1fonctional.mlx » va permettre d'exécuter le script en choisissant le type de patient à analyser.

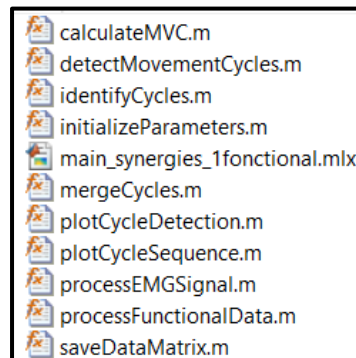


Figure 3 : Fichier main et fonctions utilisées pour « solo_functional »

« Main functional » : pour les quatre mouvements fonctionnels combinés, il va traiter les signaux EMG, les découper en trois cycles (* 4 mouvements = 12) et les regrouper dans une matrice.

Il contient quatorze fonctions et un fichier main (cf. Figure 4).

Paramétrage

- defineParameters : définit les sujets, muscles, labels de tâches et l'assignation des tâches analytiques aux muscles
- defineProcessingParameters : définit les paramètres de traitement EMG et de détection des cycles

Traitement des données

- calculateMVC : normalise les données pour le sujet et les muscles selon la tâche analytique assignée à chaque muscle en prenant la moyenne des cinq valeurs les plus hautes du signal RMS analytique (normalisation par une tâche sous-maximale standardisée)
- processFunctionalData : traite les données des mouvements fonctionnels

Traitement des artefacts

- characterizeArtifacts : définis les paramètres de nettoyage des artefacts (propose des alternatives basées sur la moyenne, écart-type ou médiane du signal)
- CleanEMGSignal : Nettoyage des artefacts (flagrants et extrêmes) des données

Calcul et assemblage des cycles

- detectMovementCycles : détecte les cycles en basant sur le marqueur RHLE (épicondyle latéral du coude) avec la possibilité de découper les cycles à la main
- processAndVisualizeCycle : traite et visualise les données EMG d'un cycle
- mergeCloseRegions : fusionne les trois cycles pour chaque mouvement

Visualisation des cycles

- visualizeCycleDetection : visualise la détection des cycles

Affichage et sauvegarde des données EMG traitées et concaténées

- visualizeAllFunctionalData : visualise toutes les données fonctionnelles
- saveAllData : Sauvegarde toutes les données traitées
- createCycleMetadata : crée les métadonnées des cycles
- printCycleSummary : Affiche un récapitulatif des cycles détectés

Le script « main_synergies_conca_functional.mlx » va permettre d'exécuter le script en choisissant le type de patient à analyser. La différence avec le script précédent repose sur l'ajout d'un découpage des cycles à la main et d'un traitement des artefacts basé sur l'écart-types.

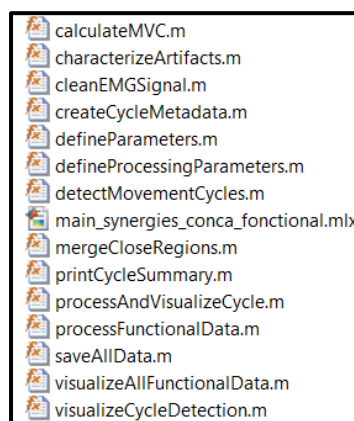


Figure 4 : Fichier main et fonctions utilisées pour « main_functional »

3) Electromyography

Ce deuxième dossier contient deux parties (cf. Figure 5) : « Analytic » et « Functional ». L'objectif pour « Analytic » est d'observer la qualité des signaux brutes. En ce qui concerne « Functional », les signaux musculaires brutes vont être observés, puis traités en plusieurs étapes, nettoyés des artefacts avec le calcul du ratio musculaire, le rapport signal/bruit et l'affichage du profil moyen.



Figure 5 : Composition du dossier 2) Electromyography

« Analytic » : pour les quatre mouvements analytiques, les signaux brutes vont être observés sur une échelle normalisée pour tous les muscles.

Il contient une fonction et un fichier main (cf. Figure 6).

Affichage des données

- plot_EMG_from_C3D_analytic : affiche les données EMG des mouvements analytiques

Le script « solo_analytic_emg.mlx » va permettre d'exécuter le script en choisissant le type de patient à analyser (penser à mettre en % les fonctions qu'on ne veut pas exécuter).

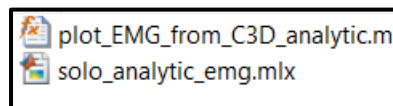


Figure 6 : Fichier main et fonction utilisée pour « Analytic »

« Functional » : contient quatre parties (cf. Figure 7).

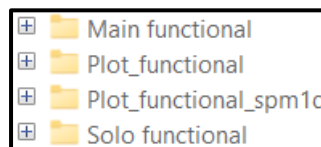


Figure 7 : Composition de « Functional »

« Solo functional » : pour les quatre mouvements fonctionnels, les signaux brutes vont être observés sur une échelle normalisée ou non pour tous les muscles.

Il contient deux fonctions et un fichier main (cf. Figure 8).

Affichage des données

- plot_EMG_from_C3D_functional : affiche les données EMG des mouvements analytiques avec échelle normalisée
- plot_EMG_from_C3D_functional_nnorm : affiche les données EMG des mouvements analytiques avec échelle pas normalisée

Le script « solo_functional_emg.mlx » va permettre d'exécuter le script en choisissant le type de patient à analyser (penser à mettre en % les fonctions qu'on ne veut pas exécuter).

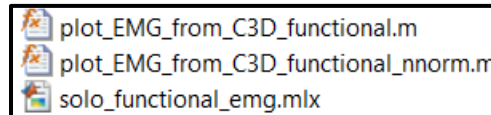


Figure 8 : Fichier main et fonctions utilisées pour « Solo functional »

« Main functional » : pour les quatre mouvements fonctionnels combinés, il va traiter les signaux EMG (filtrage, rectification, lissage et normalisation), les nettoyer des artefacts, détecter les artefacts cardiaques sur le dentelé antérieur, calculer les ratios musculaires, calculer le rapport signal-bruit, afficher le profil moyen. Il contient des options pour préparer les données à une analyse SPM1D, choisir les épaules à traiter, les sujets et la combinaison de ses informations.

Il contient vingt-un fonctions et deux fichiers main (cf. Figure 9).

Paramétrage

- configureStudyParameters : définition des sujets, muscles et de l'assignation des tâches analytiques aux tâches fonctionnelles
- configureEMGParameters : paramètres du traitement de données tels que le filtre, la rms et la normalisation du temps
- initializeDataArrays : initialisation des matrices pour stocker les % MVC des tâches analytiques, les signaux normalisés et les SNR

Traitement de données

- calculateMVC : normalise les données pour le sujet et les muscles selon la tâche analytique assignée à chaque muscle en prenant la moyenne des cinq valeurs les plus hautes du signal RMS analytique (normalisation par une tâche sous-maximale standardisée). Détermine le bruit pour le calcul futur du % SNR basé sur la calibration (3) au repos des sujets
- processMuscleSide : traitement des données (4 étapes) avec une intégration du traitement des artefacts
- processFunctionalTask : applique la fonction précédente pour traiter les données pour une tâche fonctionnelle spécifique

Traitement des artefacts

- characterizeArtifacts : définit les paramètres de nettoyage des artefacts (propose des alternatives basées sur la moyenne, écart-type ou médiane du signal)
- createSegmentationFigure : visualisation des artefacts et du nettoyage localisé des données

Calcul du rapport signal/bruit

- calculateSNRWithCal3 : calcule le SNR en se basant sur le signal au repos en faisant la moyenne pour estimer le bruit et le signal fonctionnel en prenant les 100 plus grandes valeurs moyennées

Calcul du ratio musculaire

- calculateMuscleRatios : application de la formule classique ($M1/M2$) pour le calcul de ratios musculaires
- calculate_muscle_ratio : calcul le ratio musculaire pour toutes les paires de muscles
- evaluate_muscle_ratio : donne une évaluation du muscle dominant par rapport au ratio calculé
- plotMuscleRatio : visualisation en barplot des ratios musculaire

Critère de sélection du dentelé antérieur

- displayMVCForSerra : calcul le MVC du dentelé antérieur, vérifie s'il dépasse ou non le seuil de 15% (pic) et l'affiche en noir sur les graphiques

Affichage du profil moyen

- calculateAndDisplayAverageProfile : calcule et affiche les profils moyens
- displayAverageProfile : affiche les profils moyens pour un côté % spécifique avec les écarts-types

Affichage du profil moyen combiné

- calculateAndDisplayCombinedFunctionalProfiles : calcule et affiche les profils moyens pour les quatre mouvements fonctionnels combinés
- calculateAndDisplayAverageFunctionalProfile : calcule et affiche les profils moyens pour les quatre mouvements fonctionnels combinés et les moyennes pour obtenir une seule courbe globale

Préparation analyse SPM1D

- calculateAndDisplayCombinedFunctionalProfiles_SPM1D : va stocker les données moyennes de chaque sujet dans une matrice pour faire l'analyse SPM1D des courbes

Le script « main_functional_emg.mlx » va permettre d'exécuter le script en choisissant le type de patient à analyser pour un mouvement fonctionnel. Le script « main_functional_emg_combined.mlx » va faire la même chose mais en combinant les quatre mouvements fonctionnels.

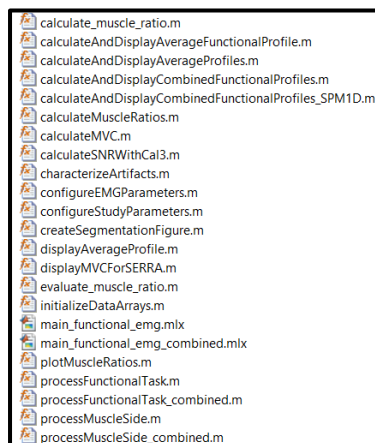


Figure 9 : Fichiers main et fonctions utilisées pour « Main functional »

« Plot_functional » : contient un script qui trace et customise le profil EMG moyen de la population enregistrés avec le script précédent.

Il ne contient pas de fonctions mais un fichier main (cf. Figure 10).
Le script « plot_global_combined_emg_profile.mlx » va permettre de tracer les courbes EMG des populations traitées et de les comparer. Ce script utilise les matrices enregistrées avec la fonction « calculateAndDisplayAverageFunctionalProfile ».

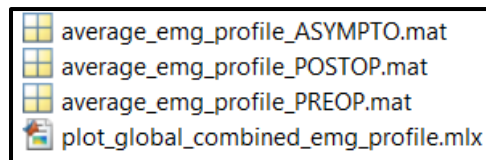


Figure 10 : Fichiers main pour « Plot_functional »

« Plot_functional_SPM1D » : contient un script qui trace le profil EMG moyen des trois populations, découpe en cycles les enregistrements, moyenne les cycles et fait une analyse SPM1D sur ces cycles moyens.

Il contient une fonction et un fichier main (cf. Figure 11).

Analyse SPM1D

- plotCombinedEMGPerSubjectWithSPM1DCyclesfigures : affichage des profil EMG moyen, découpage à la main et analyse des cycles avec SPM1D (ANOVA suivi d'un test t de student)

Le script « plot_spm1d.mlx » applique la fonction et fait l'analyse SPM1D entre les populations. Ce script utilise les matrices enregistrées avec la fonction « calculateAndDisplayCombinedFunctionalProfiles_SPM1D » et permet d'enregistrer automatiquement la découpe des cycles pour obtenir toujours les mêmes résultats.

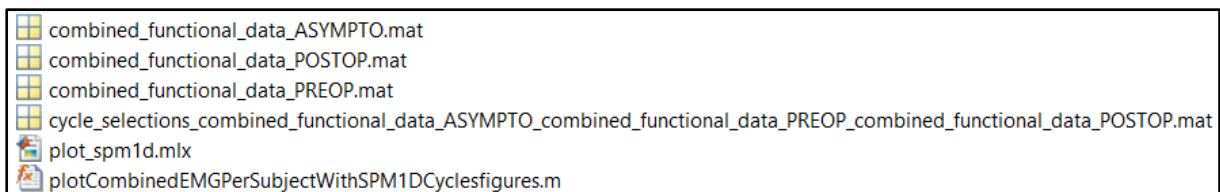


Figure 11 : Fichier main et fonction utilisée pour « Plot_functional »

4) Kinematic

Ce troisième dossier contient deux parties (cf. Figure 12) : « Main » et « Plot_kin ». L'objectif est de traiter les angles huméro-thoracique, scapulo-thoracique, et gléno-humérale, les découper en cycles, moyenner les cycles et obtenir l'angle moyen pour chaque sujet et mouvement fonctionnel.

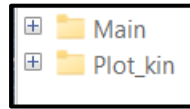


Figure 12 : Composition de « 3) Kinematic »

« Main » : calcul de la cinématique de l'épaule avec la méthode d'Euler pour les quatre mouvements fonctionnels.

Il contient trente-cinq fonctions et un fichier main (cf. Figure 13).

Paramétrages

- "get_configuration" : fonction essentielle pour définir les paramètres de traitement cinématique (filtrage, fréquence d'échantillonnage et seuils), les options de traitement de mouvement, la définition des groupes (et leurs chemin) et la sauvegarde des données
- "init_environment" : donne accès aux toolboxes utilisées pour le traitement de données tels que btk et 3D Kinematics and Inverse Dynamics
- "get_file_path" : donne le chemin pour accéder aux mouvements fonctionnels
- "read_c3d_file" : extrait les informations pertinentes du fichier c3d
- "get_valid_subjects" : identifie quels sujets ont des données valides (non vides) pour un mouvement donné

Initialisation des structures

- "initialize_data_structures" : construit les matrices pour stocker les valeurs des angles et des cycles
- "initialize_mean_cycles_structure" : construit les matrices pour stocker les cycles moyens

Calcul des angles

- "calculate_humerus_frame" : construction du repère segmentaire de l'humérus selon les marqueurs (Qualysis) basé sur les recommandations de l'ISB
- "calculate_scapula_frame" : construction du repère segmentaire de la scapula selon les marqueurs (Qualysis) basé sur les recommandations de l'ISB
- "calculate_thorax_frame" : construction du repère segmentaire du thorax selon les marqueurs (Qualysis) basé sur les recommandations de l'ISB
- calculate_rotation_matrices : calcul des matrices de rotations globales et relatives avec le respect du repère orthonormé et orthogonale
- "center_angles" : va recentrer les angles pour éviter des points de départ "aberrants" et garder des niveaux de comparaison entre sujets et conditions
- "filter_and_correct_angles" : corrige les sauts de cardan liés aux angles de Euler et applique un filtre passe-bas pour mieux lisser les angles
- "invert_movement" : inverse les valeurs angulaires du mouvement fonctionnel 4 pour conserver une cohérence cinématique avec les trois premiers mouvements
- "calculate_angles" : méthode de calcul des angles d'Euler pour les trois articulations avec l'assemblage des matrices de rotation globales puis relatives et l'extraction des angles avec la toolbox de Dumas (Dumas 2025) selon les recommandations de l'ISB

- "calculate_mean_cycles" : calcul des cycles moyens globaux pour les trois articulations de l'épaule en combinant tous les mouvements fonctionnels
- "process_data" : deuxième fonction essentiel qui va faire le calcul complet des angles pour tous les mouvements et préparer la sauvegarde des données

Calcul et affichage des cycles

- "find_cycles" : détecte les cycles de mouvement lors de l'enregistrement complet pour extraire les informations d'intérêts
- "detect_movement_cycles" : utilise le marqueur "RHLE" (coude) pour détecter les variations (3 cycles) de mouvements
- "validate_cycles" : validation des cycles basés sur des seuils (pourcentage de déplacement du marqueur RHLE)
- "plot_cycles_verification" : affiche la détection des trois cycles pour chaque sujets
- "store_mean_cycles" : stocke les cycles moyens calculés

Calcul statistique des angles

- "calculate_global_statistics" : calcul de la moyenne et écart-types pour tous les angles pour chaque mouvement
- "process_global_statistics" : trace les statistiques globales pour un mouvement donné
- "compute_subject_combined_statistics" : calcul de la moyenne, écart-types et intervalles de confiance pour tous les angles pour tous les mouvements combinés pour chaque sujet
- "compute_combined_statistic" : calcul de la moyenne, écart-types et intervalles de confiance pour tous les angles pour tous les mouvements combinés pour tous le groupe
- "store_for_global_mean" : stocke les statistiques des cycles moyens globaux
- "resume_cinematique" : calcul les variables finales de tous les angles des cycles moyens (pic, retour, amplitude, vitesse aller et retour (moment (%) et angle (°))

Visualisation

- "afficher_tous_mouvements" : affiche les cycles moyens globaux pour les trois articulations de l'épaule pour chaque mouvements fonctionnels
- "plot_global_cycles" : affiche les cycles moyens globaux pour les trois articulations de l'épaule en combinant tous les mouvements fonctionnels
- "Affiche_resume" : donne les variables finales après le calcul de tous les angles (pic, retour, amplitude, vitesse aller et retour (moment (%) et angle (°))
- "post_processing" : Affichage tous les cycles moyens combinés et donne le résumé cinématique complet

Sauvegarde des données

- "collect_subject_movement_data" : sauvegarde les données cinématiques d'intérêts pour chaque sujet et mouvement
- "store_subject_data" : stocke les données cinématiques de chaque sujet
- "save_combined_statistics" : sauvegarde les données cinématiques d'intérêts pour tous les sujet et les mouvements combinés
- "save_movement_statistics" : organise la sauvegardes des données d'un mouvement spécifique pour un côté (R ou L)

Le script « main » va effectuer le traitement cinématique selon la population et va différencier le côté de l'épaule à traiter. L'affichage moyen pour chaque mouvement individuel et combiné

affiche d'abord le côté droit puis gauche. De plus, un traitement harmonisé des côtés a été choisis pour permettre une comparaison des côtés cohérente lors du traitement statistique. Un effet miroir est donc conservé notamment pour le plan d'élévation et la rotation axiale (modifiable facilement avec une inversion ou un $+180$ degrés dans l'algorithme)

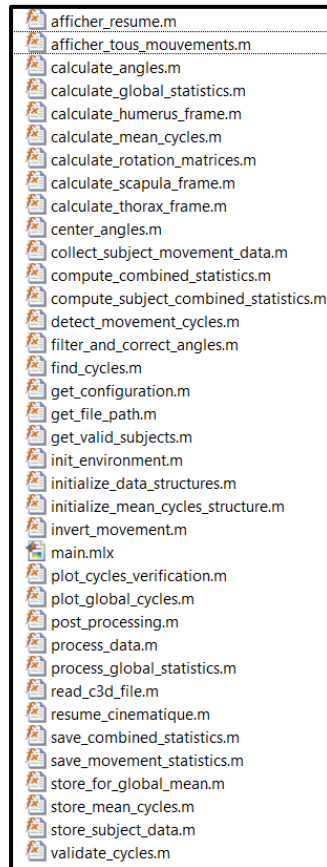


Figure 13 : Fichier main et fonctions utilisées pour « Main »

« Plot_kin » : affiche et customise les angles stockés dans les fichiers cinématiques enregistrés pour tracer les courbes pour toute la population étudiée ou certains sujets. Permet une analyse SPM1D des courbes entre populations

Il ne contient pas de fonctions mais un fichier main (cf. Figure 14). Le script « plot_kin_spm_elevation_HT.mlx » va permettre de tracer les courbes d'élévation huméro-thoracique des populations traitées et de les comparer avec une analyse SPM1D. Ce script utilise les matrices enregistrées avec la fonction "save_movement_statistics".

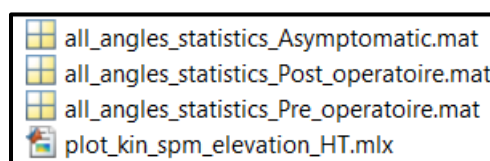


Figure 14 : Fichier main utilisé pour « Plot_kin »

5) Clustering

Ce quatrième dossier contient deux parties (cf. Figure 15) : « Kinematic clustering » et « Synergies clustering ». L'objectif est d'utiliser les notions k-means et analyse en composante principale pour regrouper les données cinématiques et synergistiques des sujets pour créer des grands groupes et établir des tendances

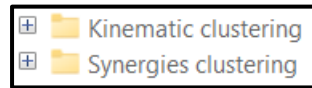


Figure 15 : Composition de « 4) Clustering »

« Kinematic clustering » : calcul la cinématique de l'épaule de manière simplifiée pour regroupe les valeurs de chaque sujet en plusieurs cluster grâce à la fonction k-means.

Il contient deux fonctions et un fichier main (cf. Figure 16).

Extraction des angles

- "extract_HT_angles" : calcul les angles d'élévation huméro-thoracique pour chaque sujet d'une population

Regroupement des angles

- "analyze_elevation_plane" : à partir des angles extraits, il va regrouper les ces données sous un nombre de clusters définis par la méthode du coude

Le script « clustering_strat_motrice.mlx » va permettre d'effectuer l'analyse de regroupement en précisant la population et le mouvement à traiter.

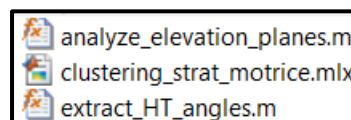


Figure 16 : Composition de « Kinematic clustering »

« Synergies clustering » : regroupe les poids musculaire de chaque muscle des synergies de chaque sujet, ainsi que chaque activation temporelle associée à la synergie, en plusieurs cluster.

Il contient deux fonctions et un fichier main (cf. Figure 17).

Regroupement des synergies et activations

- "synergyStringClustering_kmeans" : à partir des poids musculaire de chaque muscle des synergies, il va regrouper ces données sous un nombre de clusters définis par la méthode du coude

- "activationsStringClustering_kmeans" : à partir des activations temporelles de chaque synergies, il va regrouper ces données sous un nombre de clusters définis par la méthode du coude et projeter ses informations à l'aide d'une analyse en composante principale

Le script « clustering_synergies.mlx » va permettre d'effectuer l'analyse de regroupement en précisant à partir des fichiers Excel des synergies et activations (chaque colonne du fichier correspondant à une synergie ou une activation). Des explications détaillées sur l'approche statistique sont écrites dessus en complément.

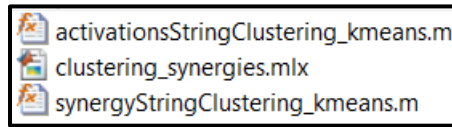


Figure 17 : Composition de « Synergies clustering »

6) Mean profil

Ce cinquième dossier contient deux parties (cf. Figure 18) : « Comparaison_VAF » et « Comparasion_SYN ». L'objectif est d'utiliser les résultats obtenus lors de l'analyse des synergies pour construire et comparer les profils des synergies, les activations temporelles et les valeurs de variance accounted for (VAF).

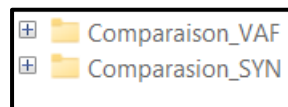


Figure 18 : Composition de « 5) Mean profil »

« Comparasion_VAF » : comparaison statistique des valeurs de VAF entre chaque populations étudiées.

Il contient deux fonctions et un fichier main (cf. Figure 19).

Affichage

- "interpretCohenD" : permettre de donner une interprétation qualitative du d de Cohen en post-hoc des tests
- "iif" : conditionne l'apparition de certains textes dans les tableaux récapitulatifs

Le script « Comparaison_VAF_3_groupes.mlx » va permettre extraire les valeurs de VAF global et musculaire pour chaque population, les comparer à l'aide de test t de student et proposer des figures pour interpréter les résultats.

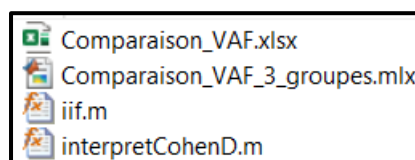


Figure 19 : Composition de « Comparasion_VAF »

« Comparasion_SYN » : comparaison statistique des synergies (à l'aide d'une ANOVA suivis de test post hoc de student) et activations temporelles entre chaque populations étudiées.

Il contient huit fonctions et un fichier main (cf. Figure 20).

Extraction des données

- "extract_activations_helper" : extraction facilité et interpolation des données des activations temporelles

Statistiques

- "perform_test_helper" : prépare l'analyse statistique des tests comparatifs des poids musculaires des synergies entre les populations et vérifie la distribution des données et l'égalité des variances

- « sw_test » : fonction de Ahmed Ben Saïdaoui qui va effectuer un test de Shapiro-wilk sur les données analysées

- "calculate_correlations" : calcule la corrélation de Pearson entre les profils moyens de synergies de chaque population

- "create_summary_table" : affiche les résultats statistiques des tests ANOVA et de student pour les synergies traitées

Affichage

- « ternary » : conditionne l'apparition de certains textes dans les tableaux ou figures récapitulatifs

- « plot_synergy_comparaison_improved » : extraction, affichage et comparaison des profils moyens de synergies sous forme de barplot pour les populations étudiés

- « plot_activation_comparaison_improved » : extraction, affichage et comparaison des profils moyens des activations temporelles sous forme de graphique pour les populations étudiés

Le script « Profils_all_figures.mlx » va permettre de générer une figure récapitulative des comparaisons (visuelle et statistique) des profils moyens de synergies et activations temporelles.

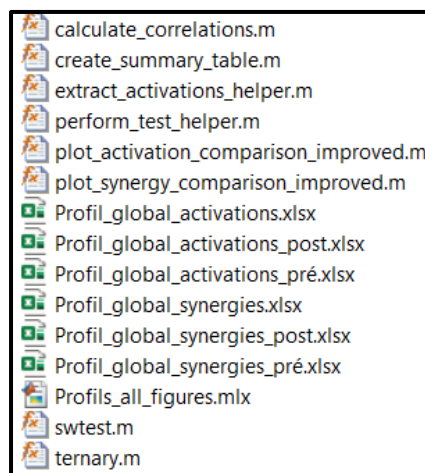


Figure 20 : Composition de « Comparasion_SYN »

7) Individual analysis

Ce sixième dossier contient trois parties (cf. Figure 21) : « Electromyography », « Kinematic » et « Synergy ». L'objectif est de proposer une analyse individuelle de tous les données traitées jusqu'à maintenant que ce soit EMG, KIN ou SYN.

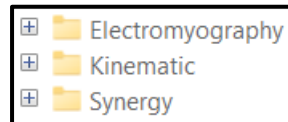


Figure 21 : Composition de « 6) Individual analysis »

« Electromyography » : comparaison statistique des pics d'activités musculaires des six muscles de l'épaule étudiés (à l'aide de test t de student) entre chaque populations.

Il contient trois fonctions et un fichier main (cf. Figure 22).

Statistiques

- « sw_test » : fonction de Ahmed Ben Saïdaoui qui va effectuer un test de Shapiro-wilk sur les données analysées

Affichage

- "interpretCohenD" : permettre de donner une interprétation qualitative du d de Cohen en post-hoc des tests

- "conditional" : conditionne l'apparition de certains textes dans les tableaux récapitulatifs

Le script « Analyse_indiv_EMG.mlx » va permettre, à partir des matrices des données EMG combinées enregistrées, de comparer les pics d'activités musculaires, observer différences significatives entre les populations et générer des figures récapitulatives avec tous les muscles et les valeurs de chaque sujets différenciées.

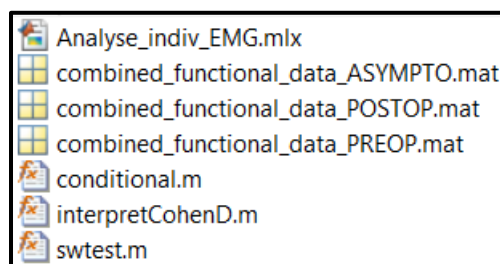


Figure 22 : Composition de « Electromyography »

« Kinematic » : comparaison statistique des pics d'élévation et d'amplitude huméro-thoracique de l'épaule étudiés (à l'aide de test t de student) entre chaque populations.

Il ne contient pas de fonctions mais trois fichiers main (cf. Figure 23).

Les scripts « Analyse_indiv_control_vs_post.mlx », « Analyse_indiv_control_vs_pre.mlx » et « Analyse_indiv_pre_vs_post.mlx » vont permettre, à partir des matrices des données KIN

enregistrées, de comparer les pics d'élévation et d'amplitude huméro-thoracique, observer les différences significatives entre les populations et générer des figures récapitulatives avec toutes valeurs de chaque sujets différenciées.

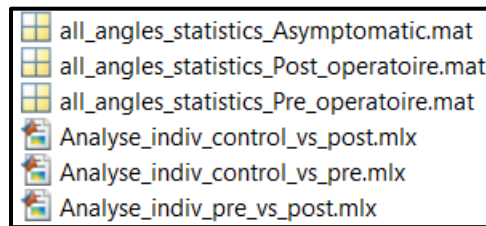


Figure 23 : Composition de « Kinematic »

« Synergy » : comparaison statistique à l'aide de la similarité cosinus des profils de synergies individuelles de la population pathologique au profil de synergies moyen de la population asymptotique.

Il contient une fonction et un fichier main (cf. Figure 24).

Statistiques

- « cosSimilarity » : calcul la similarité cosinus entre les synergies

Le script « Similarite_cosinus_synergies.mlx » va permettre, à partir des fichiers Excel des synergies enregistrés, de comparer les profils de synergies entre populations, observer les différences significatives entre les populations et générer des figures récapitulatives avec toutes les valeurs de chaque sujets différenciées.

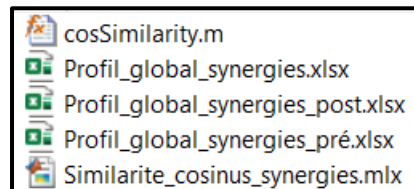


Figure 24 : Composition de « Synergy »