

## Cours de traitement des signaux biomédicaux

### 3<sup>ème</sup> séance Matlab

#### Commandes utiles

resample	ré-échantillonnage d'un signal
hilbert	calcul du signal analytique
polyfit	estimation d'un polynôme aux moindres carrés
polyval	calcul de la sortie d'un polynôme

#### routine pré-écrite

num_ADN	numérisation d'une séquence d'ADN
envelopes	estimation des enveloppes du signal

#### Routines toolbox temps-fréquence

tfrstft	Transformée de Fourier à court terme, spectrogramme
tfrwv	distribution de Wigner-Ville
tfrspwv	pseudo-distribution de Wigner-Ville lissée
tfrcw	distribution de Choi-Williams
tfrzam	distribution de Zhao-Atlas-Marks
tfrscal	scalogramme (ondelette de Morlet)

#### Quelques remarques

- Les routines d'analyse sont celles du toolbox développé par F. auger, P. flandrin, P. Gonçalves, et O. Lemoine. Ce toolbox est disponible sur Web.
- Les signaux cardiaques sont échantillonnés à 4 Hz. Comme les routines d'analyse sont assez lourdes, sous-échantillonnez les à 1 Hz avec **resample** (de toute façon les choses intéressantes sur ces signaux se passent en dessous de 0.5 Hz). N'oubliez pas d'enlever la valeur moyenne.
- **N'oubliez pas** de mettre un " ; " à la fin des commandes, sinon vous verrez défiler pendant 10 minutes les valeurs de la distribution TF, et le **Ctrl-C** n'arrête pas nécessairement ce défilement.
- Le menu qui apparaîtra avec la figure vous permet de visualiser également le signal et sa densité spectrale (**change the display layout**). Vous pouvez également diminuer le **threshold** de 5 à 1, ou passer en échelle logarithmique afin de voir plus de détails du plan temps-fréquence.

#### Expérience 1

Nous allons nous intéresser aux signaux Doppler trans-crâniens. Ces signaux sont obtenus sur une sonde Doppler à ultrasons placée à hauteur de l'artère cérébrale moyenne (fréquence d'échantillonnage 3000 Hz). Ils correspondent à la présence d'un corpuscule solide (caillot, plaquette sanguine..., fichier **solides.mat**), gazeux (bulle, fichier **gazeux.mat**) ou à un artefact (petit choc, toussotement du patient..., fichier **artefacts.mat**). Visualisez l'estimée de leur distribution temps-fréquence (préférentiellement avec **tfrstft** et **tfrspwv**, mais essayez aussi les autres) pour mettre en évidence les différences entre les groupes. **Dans le rapport, ne mettez qu'un exemple de distribution temps-fréquence par classe de signaux.** Interprétez les composantes de la distribution temps-fréquence obtenue en regard de l'évolution temporelle des signaux. Comparez les qualités des diverses distributions pour ces signaux. Vous pouvez également vérifier que la densité spectrale, estimée sur l'ensemble du signal, moyenne ces événements en fréquence.

Il vaut aussi la peine d'essayer au moins une fois avec le signal de base (pas analytique) pour voir le repliement spectral.

## Expérience 2

Le fichier **accel.dat** contient un enregistrement d'un signal (fréquence d'échantillonnage 40 Hz) provenant d'un accéléromètre placé sur le poignet d'un soignant hospitalier. Le but est de repérer les épisodes de désinfection (produit sur les mains et frottement). On sait que dans l'enregistrement une désinfection a lieu entre les indices 900 et 1120. Utilisez la suppression de dérive par estimation d'enveloppe en sélectionnant la longueur de fenêtre appropriée, puis représentez la distribution temps-fréquence (**tfrstft** ou **tfrspwv**). Quels aspects caractérisent-ils la désinfection ?

## Expérience 3

Le fichier **emg2.dat** contient trois signaux de sEMG (fréquence d'échantillonnage 1024 Hz). Ces signaux ont été acquis sur un muscle de la cuisse lors d'un test de 10 minutes (intensité moyenne-élevée) sur une bicyclette ergométrique, sur un sujet modérément entraîné. La première colonne correspond au début, la deuxième au milieu, et la troisième à la fin de l'effort. Enlevez les valeurs moyennes.

3.1 Visualisez les distributions temps-fréquence des trois signaux avec **tfrstft**. Que remarque-t-on pendant les bouffées d'activité correspondant à l'effort musculaire ? Quelle évolution voit-on sur les trois signaux ?

3.2 Afin de quantifier cette évolution, nous allons estimer la fréquence moyenne à chaque échantillon de bouffée, et moyenner le résultat sur chaque signal.

- Appliquez **envelopes** aux signaux (taille fenêtre 45). On peut considérer que les échantillons de bouffée sont ceux pour lesquels l'amplitude est supérieure ou égale à 10% de l'amplitude maximale.

- Si on utilise :

```
>> [W,T,F] = tfrstft(x) ;
```

$|W|^2$  est la distribution temps-fréquence, et F le vecteur de fréquences normalisées.

Attention : si N est la longueur du signal, seules les valeurs entre 1 et N/2, correspondant aux fréquences normalisées de 0 à  $1/2 - 1/N$ , doivent être utilisées.

Calculez la moyenne de la fréquence moyenne pour les trois signaux. Conclusion ?

- Répétez cette estimation sur les signaux de **emg1.dat**. Conclusion sur ce sujet ?

## Expérience 4

Le fichier **sequence1.txt** contient 1000 éléments d'une séquence d'ADN réelle. On a pu déterminer que les éléments 1 à 600 correspondent à un exon, et les éléments 601 à 1000 à un intron. La routine **Num\_ADN** permet de numériser cette séquence (un signal par base). A l'aide d'une analyse temps-fréquence, déterminer quel événement marque le passage à l'intron et sur quelle base ceci est le plus visible.