

Ministère de l'enseignement supérieur et la recherche scientifique

Année universitaire 2020/2021



المدرسة الوطنية المتعددة التقنيات
Ecole Nationale Polytechnique

ECG Biométrique en utilisant un réseau de neurones profond

Réalisé par :

MELLOUK Zineb
ABBASSEN Chafaa Lyes

DÉPARTEMENT ÉLECTRONIQUE

Table des matières

1 Généralités	6
1.1 Introduction	6
1.2 Biométrie & système biométrique	6
1.3 ÉlectroCardioGramme	9
1.4 Deep learning, sous-catégorie du Machine learning	14
1.4.1 Définition	14
1.4.2 Phase d'apprentissage	14
1.4.3 Phase de prédiction	15
1.4.4 Ensembles de données	15
1.4.5 Réseaux de neurones convolutifs CNN	16
2 État de l'art	20
2.1 Introduction	20
2.2 ECG dans la biométrie	20
2.3 Les méthodes de classification ECG basées sur CNN	21
2.4 Conclusion	22
3 Implémentation	23
3.1 Introduction	23
3.2 Base des données	23
3.2.1 MIT-BIH	23
3.2.2 ECG-ID	24
3.2.3 Architectures des réseaux de neurones	24
3.3 Traitement	25
3.3.1 Acquisition de signaux	25
3.3.2 Prétraitement du signal	26
3.4 Augmentation des données	27
3.4.1 Ajout de bruit	27
3.4.2 Changement de hauteur(Pitch shifting)	28
3.4.3 Décalage du temps (Time Shifting)	28
3.5 Données d'entraînement	29
3.5.1 Données CNN	29
3.6 Architectures réseau	31
3.7 TEST ET ÉVALUATION	32

3.7.1	Vérification	32
3.8	Éthique	35
3.9	Conclusion	36

Table des figures

1.1	Enrôlement d'une personne dans un système biométrique	7
1.2	Authentification d'un individu dans un système biométrique	8
1.3	Identification d'un individu dans un système biométrique	9
1.4	Trajet sanguin	10
1.5	Alvéole pulmonaire	10
1.6	ECG	11
1.7	Cellule cardiaque initialement polarisée	12
1.8	Ouverture des canaux de Na^+	12
1.9	Ouverture des canaux de Ca^{2+}	13
1.10	Ouverture des canaux de K^+	13
1.11	Réseau de neurones	14
1.12	Exemple de clustering	15
1.13	Exemple de régression	15
1.14	Exemple de répartition d'un dataset	16
1.15	Architecture de CNN	16
1.16	Mécanisme de stride	17
1.17	Mécanisme de Padding	18
3.1	Main contending ECG Segmentation Algorithm	26
3.2	Illustre les différentes méthodes d'augmentation	28
3.3	Distribution totale des données de formation et de test pour les données CNN	29
3.4	Illustre l'architecture du réseau de neurones à convolution	31
3.5	Scores de précision de la formation et de la validation	32
3.6	Scores de perte de formation et de validation	33
3.7	Matrice de confusion du modèle CNN	34
3.8	Échantillons de test prédits du modèle CNN	35

REMERCIEMENT

Nous remercions d'abord DIEU de nous avoir permis de terminer ce travail dans les meilleures conditions et qui a éclairé notre chemin et nous a doué de la connaissance.

Nous tenons également à remercier notre encadrante Mme . LANI Fatiha qui nous a soutenu par son aide et ses précieux conseils.

Enfin, nous remercions tous ceux qui ont contribué à l'élaboration de ce travail de près ou de loin.

INTRODUCTION

Actuellement le domaine médical exige de nouvelles techniques et technologies, afin d'évaluer l'information d'une manière objective. Cela est dû aux développements récents dans l'électronique qui a poussé l'informatique à un stade de plus en plus avancé. Ceci a permis d'avoir des machines de plus en plus performantes permettant d'exécuter des algorithmes complexes et de tester de nouvelle approches de l'intelligence artificielle (IA) qui s'avérait impossible auparavant. Ainsi la médecine comme plusieurs autres domaines a bénéficié de cette révolution en informatique particulièrement l'IA. Dans ce contexte, l'informatique est devenu un outil incontournable dans la pratique médicale moderne en générale et comme support d'aide au diagnostic en particulier. Plusieurs techniques de l'IA, de la logique foue (LF), réseaux de neurones (RN), les algorithmes génétiques (AG), sont couramment utilisées aux applications médicales en vue d'améliorer la performance des systèmes d'aide au diagnostic médical. Donc avec la croissance fulgurante du domaine d'authentification, la demande d'identification d'individus via des technologies avancées en matière de sécurité s'est accentuée. Pendant que les méthodes traditionnelles tels les mots de passe sont facilement accessibles, les exposant ainsi au vol ou à la perte, l'Électro-CardioGamme quant à lui possède le potentiel d'être utilisé comme une signature physiologique pour les systèmes biométriques en raison de son unicité.[13]

Chapitre 1

Généralités

1.1 Introduction

La reconnaissance biométrique promet la sécurité hermétique en identifiant un individu avec ses caractéristiques humaines innées. L'empreinte digitale humaine, la voix, le visage et liris sont juste quelques caractéristiques qui sont utilisées actuellement dans des systèmes de reconnaissance biométriques. Cependant, ces caractéristiques sont toujours falsifiables. Quelques exemples de falsification sont l'empreinte digitale 3D, les modèles de visage, des enregistreurs audio pour la lecture de voix et des lentilles de contact avec des caractéristiques diris copiées. Jusqu'à présent les signaux biologiques provenant du corps humain, comme le potentiel électrique généré par le cœur, ne sont pas encore utilisés dans les applications biométriques. Les premières études montrent que le signal ECG contient des caractéristiques spécifiques à chaque personne.

1.2 Biométrie & système biométrique

La biométrie regroupe l'ensemble des techniques informatiques permettant de reconnaître automatiquement un individu à partir de ses caractéristiques physiques et biologiques (*comme la reconnaissance d'iris*), voire comportementales (*comme la signature*), et ceci dans le but d'accorder l'accès à un appareil ou à des informations.

Pour qu'un attribut physiologique ou comportemental soit utilisé en biométrie, il doit satisfaire quatre critères :

1. il doit être universel
2. il doit être distinctif

3. il doit être permanent
4. et que l'on peut collecter.

On qualifie de **système biométrique** tout système qui a pour objectif d'effectuer une tâche biométrique.

Il possède trois mode opératoires :

1. **Le mode " enrôlement "** : C'est la première phase de tout système biométrique . Il s'agit de l'étape pendant laquelle un utilisateur est enregistré dans le système pour la première fois et où une ou plusieurs modalités biométriques sont capturées et enregistrées dans une base de données (*cet enregistrement peut s'accompagner par l'ajout d'informations biographiques dans la base de données.*)

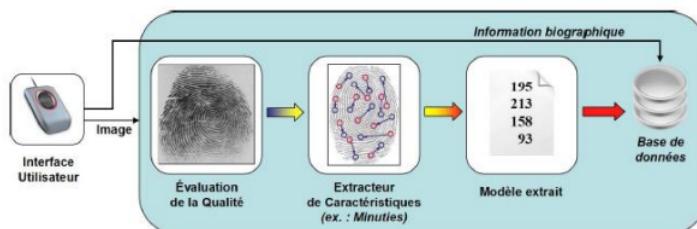


FIGURE 1.1 – Enrôlement d'une personne dans un système biométrique

2. **Le mode " authentification ou vérification "** : L'utilisateur affirme son identité et le système vérifie si cette affirmation est valide ou non. Pour illustrer ce principe, prenons la situation où un utilisateur (*M.X*) souhaite retirer de l'argent à un distributeur de billets en entrant son code personnel d'identification (code PIN) et en présentant une modalité biométrique. Le système acquiert alors les données biométriques et va les comparer uniquement avec le modèle enregistré correspondant à *M.X*. On parle alors de correspondance 1 :1. Ainsi, si l'entrée biométrique de l'utilisateur et le modèle enregistré dans la base de données correspondant à l'identité affirmée possèdent un degré de similitude élevé, l'affirmation est validée et l'utilisateur est considéré comme étant un authentique. Dans le cas contraire, l'affirmation

est rejetée et l'utilisateur est considéré comme étant un imposteur. En résumé, un système biométrique opérant en mode vérification répond à la question " Suis-je bien *M.X* ? ".

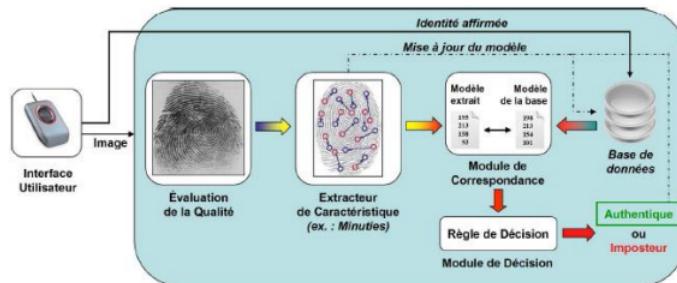


FIGURE 1.2 – Authentification d'un individu dans un système biométrique

3. **Le mode " identification " :** L'utilisateur ne dévoile pas explicitement son identité. Cependant il affirme implicitement qu'il est déjà enrôlé par le système. Ainsi, l'échantillon biométrique de l'individu est comparé avec les modèles de toutes les personnes de la base de données. On parle alors de correspondance 1 :N. La sortie du système biométrique est constituée par l'identité de la personne dont le modèle possède le degré de similitude le plus élevé avec l'échantillon biométrique présenté en entrée. Typiquement, si la plus grande similarité entre l'échantillon et tous les modèles est inférieure à un seuil de sécurité minimum fixé, la personne est rejetée, ce qui implique que l'utilisateur n'était pas une des personnes enrôlées par le système. Dans le cas contraire, la personne est acceptée. Un exemple de système opérant en mode identification serait l'accès à un bâtiment sécurisé : tous les utilisateurs qui sont autorisés à entrer dans le bâtiment sont enrôlés par le système ; lorsqu'un individu essaye de pénétrer dans le bâtiment, il doit d'abord présenter ses données biométriques au système et, selon la détermination de l'identité de l'utilisateur, le système lui accorde le droit d'entrée ou non. En résumé, un système biométrique opérant en mode identification répond à la question " Suis-je bien connu du système ? "

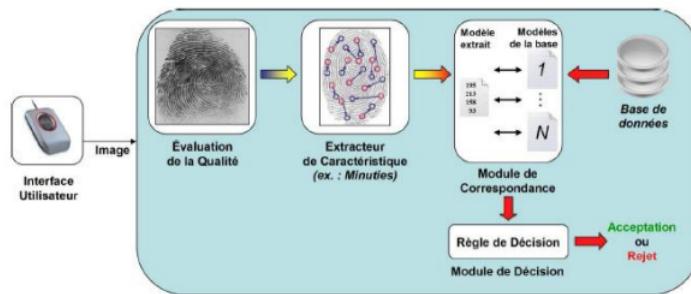


FIGURE 1.3 – Identification d'un individu dans un système biométrique

1.3 ÉlectroCardioGramme

Avant d'expliquer la forme de l'électrocardiogramme, parlons d'abord du trajet sanguin.

Il faut savoir que le coeur est composé de quatre cavités : deux **oreillettes** & deux **ventricules** qui se remplissent et se vident de sang. D'un côté le sang qui vient de l'organisme pauvre en O₂ et riche en CO₂ entre dans l'oreillette droite par les veines caves supérieure et inférieure et passe au ventricule droit où il sera éjecté dans les artères pulmonaires. Au niveau du poumon et à l'aide d'alvéoles, le sang se débarrasse du CO₂ et absorbe l'O₂ puis retourne au cœur dans l'oreillette gauche par les veines pulmonaires. D'un autre côté et **simultanément** le sang fraîchement oxygéné qui revient des poumons vers le cœur dans l'oreillette gauche, passe dans le ventricule gauche, qui à son tour le propulse dans l'aorte qui irrigue les organes à travers ses ramifications. Le sang pauvre en oxygène quant à lui retourne au cœur dans l'oreillette droite par les veines caves supérieure et inférieure. Ce cycle se répète continuellement.

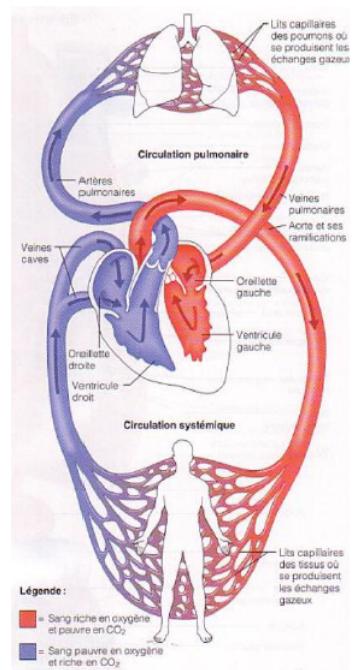


FIGURE 1.4 – Trajet sanguin

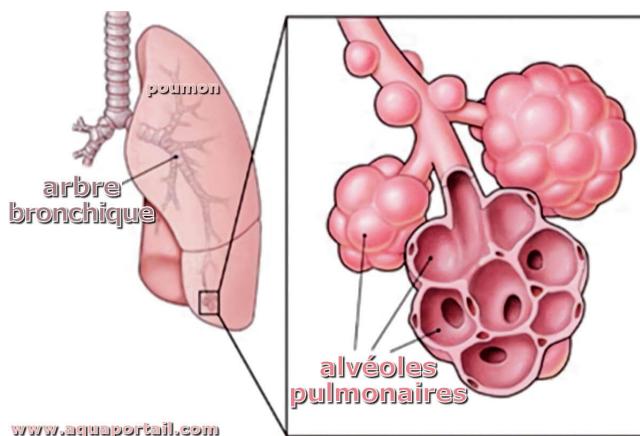


FIGURE 1.5 – Alvéole pulmonaire

Traitons maintenant l'électrocardiogramme.

L'ECG possède la forme suivante :

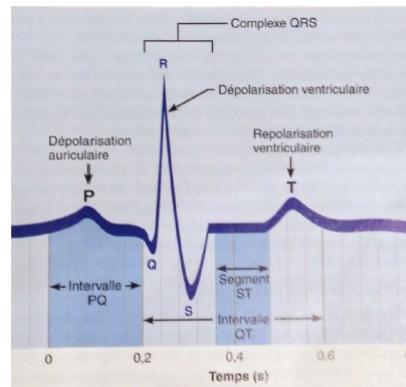


FIGURE 1.6 – ECG

Avec :

- * L'onde **P** : elle correspond à la dépolarisation des oreillettes par le noeud sinusal, et où ces dernières se contractent.
- * Le complexe **QRS** : il correspond à la dépolarisation ventriculaire.
- * L'onde **T** : elle correspond à la repolarisation ventriculaire.

Remarque : La repolarisation des oreillettes n'est pas visible sur le tracé car elle se produit au cours de la dépolarisation ventriculaire et donc elle est dissimulée par le complexe QRS.

Creusons davantage et expliquons à titre d'exemple d'où provient l'onde **P** (les autres ondes sont facilement déductibles), pour cela il faut savoir qu'une cellule cardiaque est initialement polarisée (*positivement de l'extérieur et négativement de l'intérieur*) :

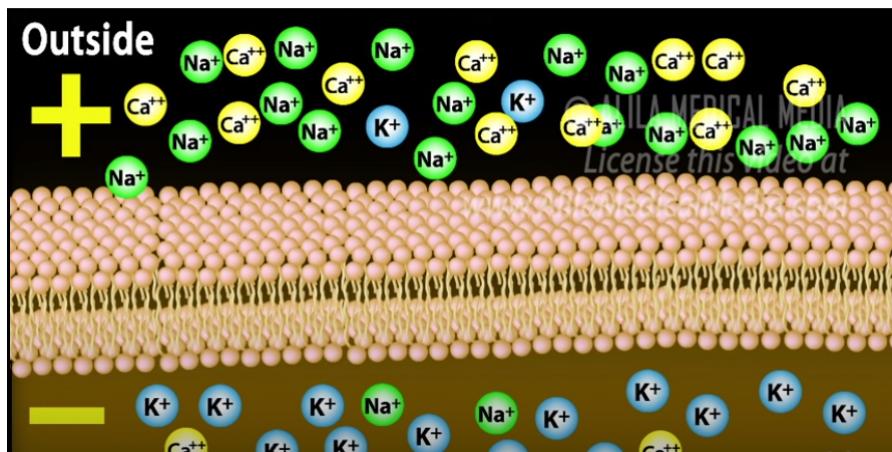


FIGURE 1.7 – Cellule cardiaque initialement polarisée

Cette cellule possède sur sa paroi des canaux spécifiques à trois types d’ions différents (**le sodium, le calcium et le potassium**).

D’abord et de manière **spontanée**, les canaux de Na^+ s’ouvrent

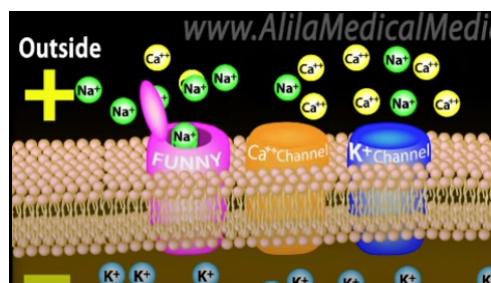


FIGURE 1.8 – Ouverture des canaux de Na^+

Cela permet aux ions Na^+ de pénétrer augmentant ainsi la différence de potentiel :

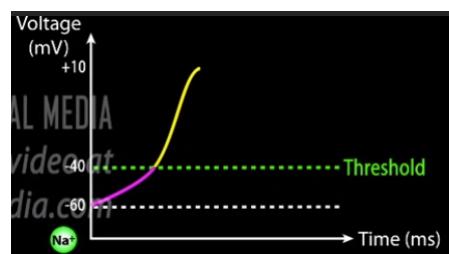


Arrivé à un certain seuil (-40 mV), les canaux de Ca^{2+} s’ouvrent à leur tour (*et les canaux de Na^+ se ferment*) contribuant également à l’aug-

mentation de la différence de potentiel



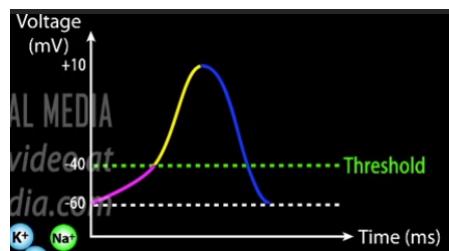
FIGURE 1.9 – Ouverture des canaux de Ca^{2+}



Arrivé à un autre seuil (+10 mV), c'est au tour des canaux de K^+ de s'ouvrir contribuant cette fois à la diminution de la différence de potentiel



FIGURE 1.10 – Ouverture des canaux de K^+



1.4 Deep learning, sous-catégorie du Machine learning

1.4.1 Définition

Le deep learning est une technique de machine learning, qui lui est un ensemble de techniques donnant la capacité aux machines d'apprendre automatiquement un ensemble de règles à partir de données, contrairement à la programmation traditionnelles qui elle consiste en l'exécution de règles pré-déterminées. Cette technique du machine learning repose sur le modèle des réseaux neurones : des dizaines de couches de neurones empilées les unes après les autres d'où le nom de réseau **profond**.

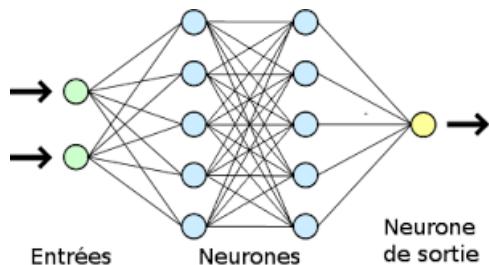


FIGURE 1.11 – Réseau de neurones

1.4.2 Phase d'apprentissage

C'est le processus de construire un modèle général à partir de données (*observations*).

On distingue deux approches d'apprentissage :

1. **L'apprentissage supervisé** : où les données fournies sont **étiquetées**.
2. **L'apprentissage non supervisé** : où les données fournies ne sont pas **étiquetées**. Utilisé dans le partitionnement de données :

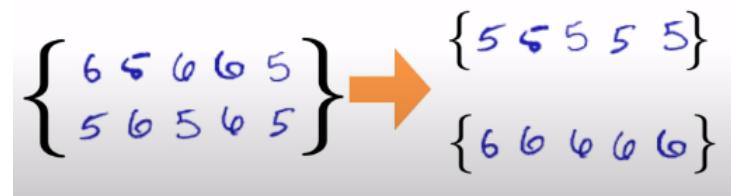


FIGURE 1.12 – Exemple de clustering

Remarque : Dans l'apprentissage supervisé, il existe deux problèmes :

1. Un problème de **régression** : où l'étiquette, qu'on nomme aussi *cible*, est continue (elle prend une infinité de valeurs réelles).

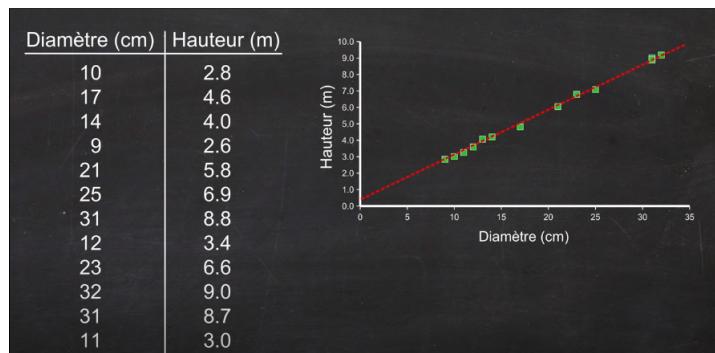


FIGURE 1.13 – Exemple de régression

2. Un problème de **classification** : où la cible est discrète.

1.4.3 Phase de prédiction

Le but est de prédire l'attribut cible d'une nouvelle donnée

1.4.4 Ensembles de données

On distingue **3** partitions au niveau du dataset :

1. **L'ensemble d'entraînement** : avec lequel on fixe nos paramètres (*les poids & les biais*).

2. **L'ensemble de validation** : avec lequel on fixe nos hyperparamètres (*le nombre d'itérations, le taux d'apprentissage, ...etc*).

3. L'ensemble de test.



FIGURE 1.14 – Exemple de répartition d'un dataset

1.4.5 Réseaux de neurones convolutifs CNN

Un réseau de neurones convolutif CNN se compose de plusieurs couches connectées de manière anticipée.[8] Les couches principales comprennent la couche convulsive, couche de mise en commun et couche entièrement connectée. Les deux premières couches sont responsables de l'extraction des caractéristiques, tandis que les couches entièrement connectées sont chargées de la classification.

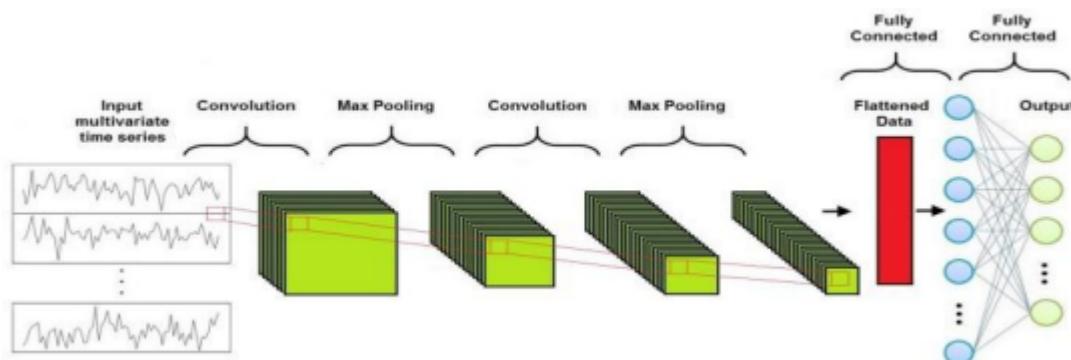


FIGURE 1.15 – Architecture de CNN

La figure 1.15, illustre l'architecture du réseau de neurones convolutifs.

Couche convulsive (Convolutional Layer)

La convolution est définie par un ensemble de filtres (des matrices de taille fixe) qui sont appliquées à une sous-matrice de la carte des caractéristiques (features map) en entrée pour donner en sortie la somme du produit de

chaque élément du filtre avec l'élément dans la même position de la sous-matrice afin d'extraire les caractéristiques de haut niveau de données. Les valeurs des filtres sont considérées comme des poids qui peuvent être entraînés et ensuite apprises pendant l'entraînement. Deux paramètres importants qui doivent être choisis pour la couche convulsive sont le stride et le Padding.

1. **Stride** :il contrôle la façon dont le filtre s'articule autour d'une carte des caractéristiques en entrée. En particulier, la valeur de foulée indique combien d'unités doivent être décalées à la fois

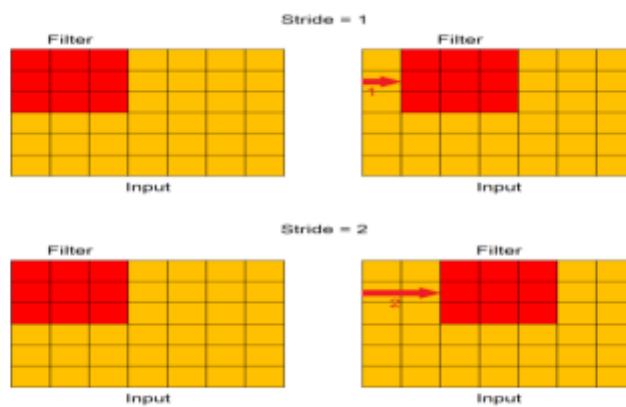


FIGURE 1.16 – Mécanisme de stride

2. **Padding** :indique le nombre de colonnes et de lignes supplémentaires à ajouter en entour d'une carte des caractéristiques en entrée, avant d'appliquer un filtre de convolution. Toutes les cellules des nouvelles colonnes et lignes ont une valeur fictive, généralement 0.[]

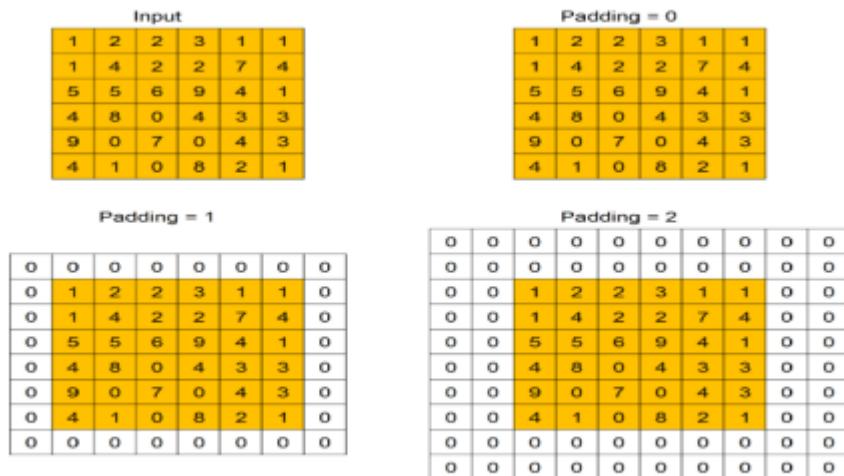


FIGURE 1.17 – Mécanisme de Padding

Le Padding est utilisé car lorsqu'un filtre de convolution est appliqué à une carte des caractéristiques en entrée de petite taille. Ensuite, après l'application de nombreux filtres, la taille peut devenir trop petite. En ajoutant des lignes et des colonnes supplémentaires, nous pouvons conserver la taille d'origine ou la ralentir.

Couche de mise en commun(Pooling Layer)

Le but de l'opération de pooling est d'obtenir une réduction de dimension des cartes de caractéristiques, en préservant autant d'informations que possible. Il est également utile pour extraire les caractéristiques dominantes qui sont invariantes en rotation et en position. Son entrée est une série de cartes de caractéristiques et sa sortie est une série différente de cartes de caractéristiques, avec une dimension inférieure. Le pooling est appliquée aux fenêtres coulissantes de taille fixe sur la largeur et la hauteur de chaque carte d'entités en entrée. Il existe deux types de pooling : Max Pooling and Average Pooling. Max Pooling fonctionne également comme un suppresseur de bruit, éliminant complètement les activations bruyantes. Par conséquent, il fonctionne généralement mieux que Average Pooling. Aussi pour la couche de pooling, le Stride et le Pading doivent être spécifiés.

Couche entièrement connectée (Fully-Connected Layer FCL)

L'objectif de la FCL est d'apprendre des combinaisons non linéaires des caractéristiques de haut niveau représentées par la sortie de la couche convective et de la couche de mise en commun. Après plusieurs opérations de

convolution et de regroupement, la TS d'origine est représentée par une série de cartes de caractéristiques. Toutes ces cartes de caractéristiques sont aplatis dans un vecteur de colonne, c'est-à-dire la représentation finale de la série chronologique multivariée d'entrée d'origine. La colonne aplatie est connectée au Perceptron multicouche, dont la sortie a un nombre de neurones égal au nombre de classes possibles de séries temporelles. La rétro propagation est appliquée à chaque itération de l'entraînement. Sur une série d'époques, le modèle est capable de distinguer les séries temporelles d'entrée grâce à leurs caractéristiques dominantes de haut niveau et de les classer.

Chapitre 2

État de l'art

2.1 Introduction

Dans le but de bien mener et aborder notre problématique, on a commencé par chercher et lire plusieurs articles publiés sur ECG biométrique avec les méthodes de Machine Learning et de Deep Learning.

2.2 ECG dans la biométrie

- * L'idée d'utiliser l'ECG comme modalité biométrique a été introduite pour la toute première fois en **1977** dans un **rapport militaire** de l'armée américaine, mais elle a été mise de côté faute d'acquisition de qualité.
- * Cette déclaration fut confirmée en **1999** par deux scientifiques **Hoe-kema & Van Oosterom** qui ont étudié l'intervariabilité de l'ECG. [12]
- * **Deux ans plus tard**, un groupe de scientifiques **Biel, Pettersson, Philipson & Wide** ont appliqué des méthodes d'analyse sur l'ECG notamment *l'analyse discriminante linéaire* qui consiste à prédirer l'appartenance d'un individu à une classe prédéfinie à partir de ses caractéristiques mesurées. [3]
- * Certains chercheurs (**Adrian & Chan**) se sont intéressés en **2008** à l'utilisation d'*électrodes métalliques sèches* (sans gel) afin d'assurer

un confort chez certains sujets durant l'acquisition. [6]

- * D'autres (**Pinto & Cardoso**) ont acquis en **2017** les signaux via des électrodes *embarquées dans un volant.* []
- * En **2017** également, trois chercheurs **Ferdinando, Seppänen & Alasaarela** ont découvert une corrélation entre la précision et 2 paramètres du spectrogramme à savoir le pourcentage de recouvrement et la largeur de la fenêtre. [10]
- * **L'année suivante**, le Philosophy Doctor **J-M Carvalho** a appliqué une méthode de *compression* du nom de " *Compression relative normalisée* " réalisant ainsi une meilleure performance que les méthodes précédentes. [5]

2.3 Les méthodes de classification ECG basées sur CNN

En général, l'utilisation des CNN s'inscrit dans l'approche d'apprentissage supervisé. Ils sont largement utilisés dans diverses applications telles que le filtrage du bruit, l'extraction des caractéristiques et la classification. Parmi les travaux récents basés sur l'architecture CNN pour le diagnostic de l'arythmie :

Atia et al. 2019 [1] ont proposé une approche à base de CNN pour identifier les dysfonctionnements ventriculaires gauche asymptomatiques (ALVD). À l'aide de données appariées d'ECG à 12 dérivations, y compris la fraction d'éjection ventriculaire gauche (une mesure de la fonction contractile), de 44 959 patients à la clinique Mayo, ils ont formé un réseau neuronal convolutif pour identifier les patients présentant un dysfonctionnement ventriculaire, défini comme la fraction d'éjection 35%, utilisant uniquement les données ECG. Lorsqu'il a été testé sur un ensemble indépendant de 52 870 patients, le modèle de réseau a donné des valeurs pour l'aire sous la courbe, la sensibilité, la spécificité et la précision de 93%, 86,3%, 85,7%, respectivement.

X. Xu et H. Liu(2020) [xu2020ecg] proposent une méthode de classification des battements cardiaques ECG basée sur CNN. Sur la base de dataset d'arythmie MIT-BIH, l'approche proposée atteint une sensibilité de

99,2% et une prédictive positive de 99,4% dans la détection de VEB ; une sensibilité de 97,5% et une prédictive positive de 99,1% dans la détection de SVEB ; et une précision globale de 99,43%. Le système développé peut être directement mis en œuvre sur des appareils portables pour surveiller les données ECG à long terme.

T. Mahmud, S. A. Fattah and M. Saquib (2020) [2] proposent une architecture efficace de réseau de neurones à convolution (CNN) basée sur la convolution temporelle en profondeur ainsi que d'un schéma de bout en bout robuste pour détecter et classer automatiquement l'arythmie à partir du signal d'électrocardiogramme (ECG) débruité, appelé comme 'DeepArr-Net'. Cette proposition a été validée sur un ensemble de données d'arythmie MIT BIH qui contient 48 demiheures d'enregistrements ECG à deux canaux (MLII et V1) collectés auprès de 47 patients, avec environ 110 000 battements ECG. Plusieurs opérations de convolution temporelle sont effectuées en parallèle sur différentes tailles de noyau en même temps. Afin de limiter la complexité de calcul dans les opérations de convolution temporelle parallèles, une convolution temporelle échelonnée est effectuée, ce qui réduit également la longueur de la carte de caractéristiques de sortie. Le modèle de réseau a donné des valeurs de performance pour la précision, la sensibilité, la valeur prédictive positive (VPP) et le F-score de 99.28%, 99.13%, 99.08% et 99.11%, respectivement.

2.4 Conclusion

On a pu voir dans ces différents articles qu'il existe plusieurs applications qui sont faites dans le domaine de la biométrie avec ECG . Plus généralement, cette problématique se traduit par un problème de classification multi classes avec des approches qui se basent sur des algorithmes de Machine Learning et de Deep Learning. Pour répondre à notre problématique, on va s'inspirer des articles lus en testant plusieurs algorithmes de Machine Learning et de Deep Learning et sélectionner le plus optimal pour notre problématique.

Chapitre 3

Implémentation

3.1 Introduction

Ce chapitre est consacré à la description de la méthode de classification utilisée dans les différentes méthodes biométriques , les Bases de données et L'architecture des réseaux de neurones avec le traitement pour tester et valider le code

3.2 Base des données

pour évaluer les performances dans des conditions réalistes avec un nombre pertinent d'utilisateurs et un temps record optimal avec continuité, le MIT-BIH et l'ECG-ID les ensembles de données publics de PhysioNet ont été choisis.

3.2.1 MIT-BIH

Bien que l'ensemble de données MIT-BIH Arrhythmia [29] soit axé sur la détection de l'arythmie, il a également été utilisé pour évaluer l'exactitude de l'authentification biométrique dans plusieurs ouvrages. Cet ensemble de données contient les signaux ECG de 47 personnes souffrant d'arythmies de divers Types. Les enregistrements ont été numérisés à une fréquence d'échantillonnage de 360 Hz avec un 11 bits résolution sur une plage de signal de 10 mV. Bien que les signaux ECG aient été enregistrés dans deux canaux, seul le premier canal a été utilisé dans l'étude proposée.

3.2.2 ECG-ID

La base de données ECG-ID est l'une des rares bases de données spécialement créées pour étudier l'authentification basée sur l'ECG. En conséquence, cet ensemble de données est devenu de facto choix pour les chercheurs travaillant avec la biométrie ECG [Pinto]. Dans cet ensemble de données, 90 personnes avaient leurs signaux ECG qu'on a enregistrés pendant 20 secondes. Plus de 10 mV nominaux , les signaux ont été numérisés à 500 Hz avec une résolution de 12 bits. Données de session 2 à 20 ont été recueillies pour chaque sujet. Ainsi, il est courant parmi les chercheurs de ne prévoir que deux séances pour chaque personne afin d'éviter le déséquilibre des données

3.2.3 Architectures des réseaux de neurones

La création d'un modèle d'apprentissage profond pour un système d'authentification unique basé sur les battements de cœur est difficile en raison de la durée limitée du signal et de la nécessité de grands ensembles de données. les signaux fournissent très peu d'informations pour les données d'entrée séquentielles qui se traduisent par la perte d'informations considérables. Ainsi, Debbis a utilisé une architecture étendue capable d'extraire des caractéristiques complexes de chaque segment ECG. Les réseaux de neurones convolutifs utilisaient une structure de blocs héritée de VGG19 [25], modifié pour répondre aux besoins des fonctionnalités ECG.

Les deux structures contiennent une architecture d'apprentissage à 30 couches, dans laquelle entre l'entrée et la couche aplatie, il existe 5 blocs. Chaque bloc contient une convolution 1D, une normalisation par lots, une activation et une couche Max Pooling. La structure en blocs permet de connecter toutes les couches avec des correspondances en empilant les cartes d'entités formées dans les couches précédentes à des niveaux supérieurs. Plus de détails sur les architectures de réseaux de neurones sont discutés dans la section.

3.3 Traitement

3.3.1 Acquisition de signaux

Les fichiers de données MIT-BIH et ECG-ID sont stockés dans la base de données Waveform (WFDB). Les formats de fichier record_name.dat sont des fichiers binaires contenant des exemples de signaux numérisés. Ces fichiers hébergent des formes d'onde, mais elles ne peuvent pas être interprétées correctement sans leurs fichiers d'en-tête correspondants. Les fichiers record_name.hea correspondants sont de courts fichiers texte qui décrivent le contenu des fichiers de signaux associés. On a utilisé le WFDB progiciel [9] pour lire et extraire les signaux et les enregistrer facilement format de fichier accessible et universellement lisible, record_name.csv.

```

1 signals, = wfdb.rdsamp(file, sampfrom=0,
2 pn_dir = os.path.join(database, folder))
3 df = pd.DataFrame(signals)
4 df.to_csv(os.path.join(dir, folder, file + '.csv'), index=False)

```

Le BMD est livré avec une interface utilisateur graphique compatible Windows-OS, pour aider à l'extraction des signaux. Une personne chargée de l'enregistrement devrait être en place pour commencer, surveiller et mettre fin à l'enregistrement du signal. La durée optimale du signal était déterminé à 20 minutes. L'interface graphique BMD enregistre les signaux dans un fichier datetime.txt format en tant que figure.

```

# How the datetime.txt file looks like
2 timestamp: ADC HeartRate4sAverage HeartRate30sAverage
3 1621355037.727: 2696 95 92
4 1621355037.727: 1979 95 92
5 1621355037.727: 1093 95 92
6 1621355037.727: 812 95 92
7 1621355037.727: 1304 95 92
8 1621355037.727: 2055 95 92
9 1621355037.727: 2492 95 92
10 1621355037.727: 2575 95 92
11 1621355037.727: 2607 95 92
12 1621355037.727: 2682 95 92
13 1621355037.727: 2608 95 92
14 1621355037.727: 2241 95 92
15 1621355037.774: 1845 95 92
16 1621355037.774: 1744 95 92
17 1621355037.774: 1902 95 92

```

```

18 1621355037.774: 2008 95 92
1621355037.774: 2017 95 92
20 1621355037.774: 2174 95 92
1621355037.774: 2628 95 92
22 1621355037.774: 2978 95 92
1621355037.774: 2650 95 92
24 # Processing the datetime.txt file
with open('user_id_date.txt', 'r') as f:
26 for line in f:
    value = int(line.strip().split()[1])
28 array.append(value)
# Normalize array to (-1, +1)
30 array = np.interp(array, (array.min(), array.max()), (-1, +1))
# Save to csv
32 df.to_csv('user_id_date.csv', index=False)

```

3.3.2 Prétraitement du signal

Au cours de cette étape, les signaux ECG sont améliorés et les QRS les plus discriminants les complexes sont extraits. Aucun filtrage du bruit n'a été appliqué car différentes méthodes d'acquisition de signaux produisaient différents niveaux de bruit et je ne pouvais pas y accéder suffisamment.

Segmentation de pointe

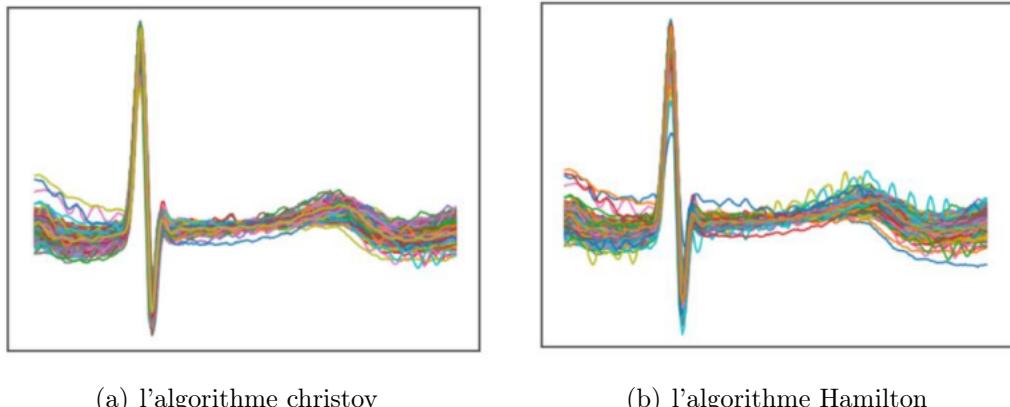


FIGURE 3.1 – Main contending ECG Segmentation Algorithm

Dans la deuxième étape, on a appliqué l'algorithme de segmentation QRS christov et Hamilton présenté dans la littérature [7] [11]. Une comparaison

des deux algorithmes est présentée dans la figure 5. Entre autres, l'algorithme christov démontre une plus grande robustesse, QRS et les performances de détection des battements [4] . L'algorithme filtre l'ECG à travers une séquence des moyennes mobiles, et une combinaison de seuils adaptatifs est utilisée pour la détection QRS. Pour l'absence de toute interférence de ligne électrique, le premier filtre de moyenne mobile est utilisé. Il est implémenté comme un filtre de réponse impulsionnelle finie, où le nombre de coefficients dans une durée de 50 Hz est égale au nombre d'échantillons (20 ms). De même, avec 28 ms, la deuxième moyenne mobile est appliquée pour réduire le bruit du signal. La valeur absolue de le différentiel est ensuite pris pour illustrer les complexes QRS.

```

1 def segment(self, array):
2     peaks = ecg.christov_segmenter(signal=array, sampling_rate=500)[0]
3     for i in (peaks[1:-1]):
4         diff1 = abs(peaks[count - 1] - i)
5         diff2 = abs(peaks[count + 1] - i)
6         x = peaks[count - 1] + diff1 // 2
7         y = peaks[count + 1] - diff2 // 2
8     peakWave = array[x:y]
```

3.4 Augmentation des données

L'augmentation des données est une technique utilisée pour créer de nouvelles données d'entraînement à partir de celles existantes. Méthodes d'augmentation géométrique typiques à populaires généralement appliquées aux données d'entrée pour CNN, de telles méthodes ne sont pas appropriées pour cette étude. Les ondes de signal ont le caractéristiques du bruit, domaine de hauteur et domaine temporel.

3.4.1 Ajout de bruit

Ce processus implique l'ajout de bruit gaussien à l'échantillon en raison de sa Distribution. Les bruits gaussiens sont des échantillons aléatoires distribués à intervalles réguliers avec une moyenne de 0 et un écart type de 1

```

1 factorValue = 0.09
2 noiseAdding = array + factorValue * np.random.normal(0, 1, len(array))
```

3.4.2 Changement de hauteur(Pitch shifting)

Ce processus consiste à déplacer le signal dans le domaine d'amplitude autour de l'axe des x tout en influençant le moins possible le domaine temporel.

```
factor = -0.3
2 pitchShifting = librosa.effects.pitch_shift(array, 500, n_steps=float(
    factor))
```

3.4.3 Décalage du temps (Time Shifting)

Ce processus consiste à décaler le signal dans le domaine temporel autour de l'axe y tout en influençant le moins possible l'axe des abscisses.

```
samplingRate = 500
2 timeShifting = np.roll(array, int(samplingRate / 150))
```

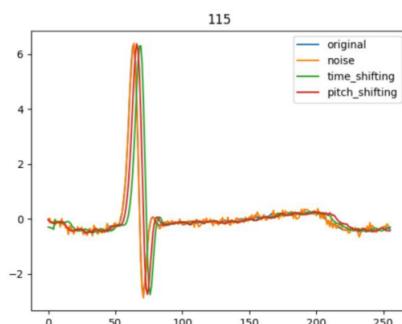


FIGURE 3.2 – Illustre les différentes méthodes d'augmentation

Le résultatat de la variation de ces processus est illustré à la figure 11. Après un prétraitement et augmentation réussis, le signal de chaque individu a été enregistré dans un format de fichier cornichon(pickle). Après une évaluation, seules les données du MIT-BIH été utilisés parce que l'ECG-ID ne disposait pas de suffisamment de données pour produire résultats confiants.

3.5 Données d'entraînement

3.5.1 Données CNN

Les segments ECG ont été réduits à 10000 par individu, d'où une distribution normale de classes, Figure 3.3. Les données prétraitées sont normalisées à des valeurs comprises entre 0 et 1. Données la normalisation permet de se débarrasser de plusieurs anomalies qui peuvent compliquer l'analyse des signaux. Ensuite, les données sont mélangées et divisées en ensembles de formation et de validation pour évaluer les performances du classifieur. Le modèle de sélection Sklearn a été utilisé pour partitionner au hasard et allouer 60% des données à la formation, 30% à la validation et 10 pour tester. L'ensemble d'apprentissage est utilisé pour la conception du classificateur, tandis que l'ensemble de test pour évaluation des performances et de la précision.

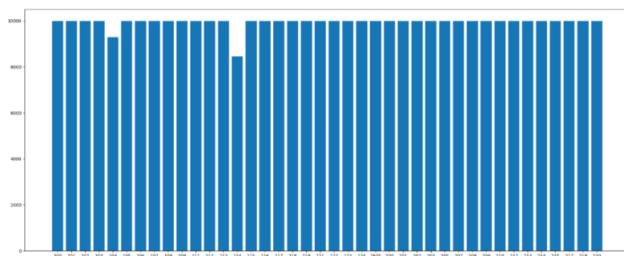


FIGURE 3.3 – Distribution totale des données de formation et de test pour les données CNN

```

# Normalize
2 x = (x - x.min()) / (x.max() - x.min())
y = np.array(y)
4 # Shuffle for both SNN and CNN
# Train, Valid and test split
6 from sklearn.preprocessing import LabelBinarizer
# Determine segment shape (256)
8 SIG_DIMS = (x.shape[1], 1)
# binarize the labels
10 lb = LabelBinarizer()
y = lb.fit_transform(y)
12 # Split
x_train, x_test, y_train, y_test = train_test_split(
14 x, y, test_size=0.4, shuffle=True, random_state=42)
x_valid, x_test, y_valid, y_test = train_test_split(
16 x_test, y_test, test_size=0.3, shuffle=True,
random_state=42)
18 x_train = x_train.reshape(x_train.shape[0], SIG_DIMS[0],

```

```
SIG_DIMS[1])  
20 x_valid = x_valid.reshape(x_valid.shape[0], SIG_DIMS[0],  
SIG_DIMS[1])  
22 x_test = x_test.reshape(x_test.shape[0], SIG_DIMS[0],  
SIG_DIMS[1])
```

3.6 Architectures réseau

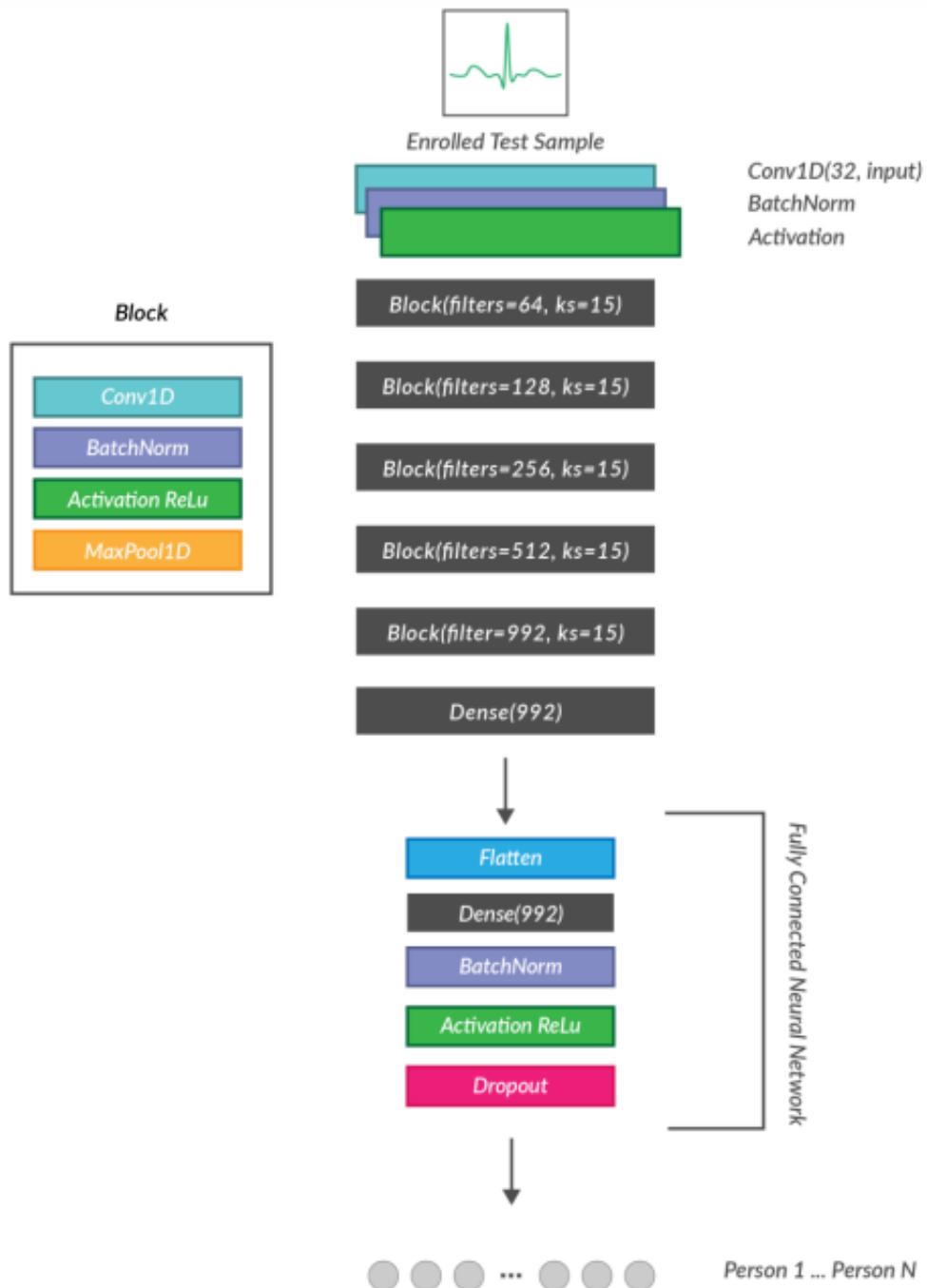


FIGURE 3.4 – Illustré l'architecture du réseau de neurones à convolution

3.7 TEST ET ÉVALUATION

Dans cette expérience, le CNN est alimenté avec un ECG temporel 1D signaux, chacun de longueur 256. Le réseau a une taille de lot de 64 et un taux d'apprentissage de 0,00001 et utilisé l'optimiseur Adam avec décroissance. Après de nombreuses expériences, seuls les données de 39 candidats du MIT-BIH ; En raison de la structure de réseau complexe utilisée, les données d'ECG-ID ne produire des résultats substantiels.

3.7.1 Vérification

En moyenne, la période de formation dure 1 heure. Le modèle CNN a été couronné de succès formé sur 100 époques avec arrêt précoce, point de contrôle modèle sur la perte de validation et terminé de manière optimale après une moyenne de 20 à 25 époques. Les résultats pour le modèle sont substantiellement excellent compte tenu de la courte durée et de la structure complexe du réseau. Le modèle CNN a atteint un score de précision de 99,93% et une perte de validation de 0,32% est illustré dans la figure 3.5 et la Figure 3.6 Le modèle CNN a une marge de seuil de 99%, ce qui signifie que les données de test sélectionnées de taille 47729, 47459 segments sont correctement classées avec une précision $\geq 99\%$, et 270 segments ont un score de précision $\leq 99\%$

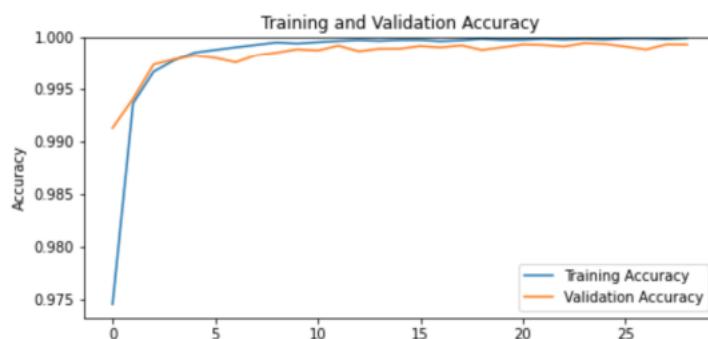


FIGURE 3.5 – Scores de précision de la formation et de la validation

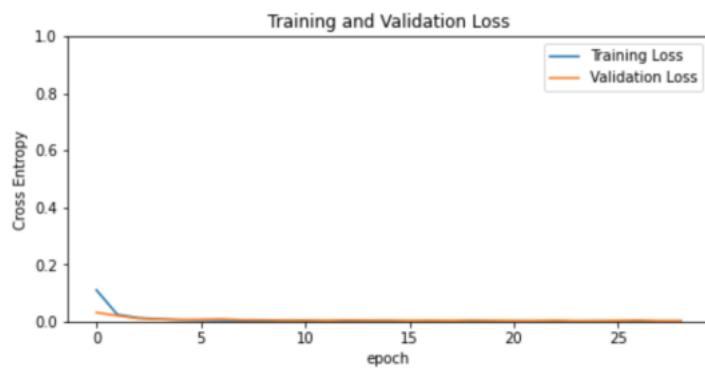


FIGURE 3.6 – Scores de perte de formation et de validation

La matrice de confusion est affichée sur la figure 3.7, qui correspond à la précision, rappel et score f1 tous à 100%. la figure 3.8 Affichée Échantillons de test prédits du modèle CNN

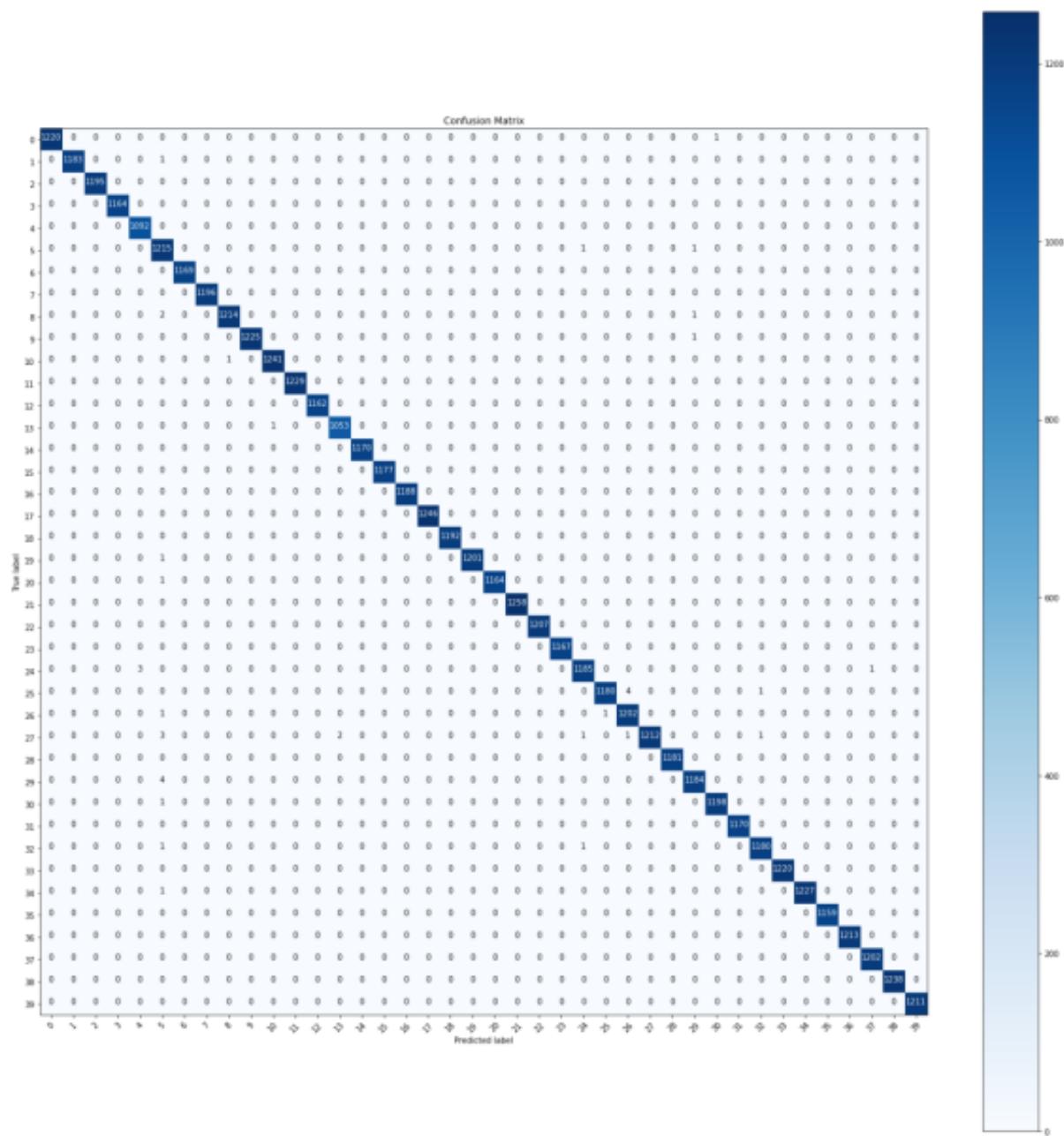


FIGURE 3.7 – Matrice de confusion du modèle CNN

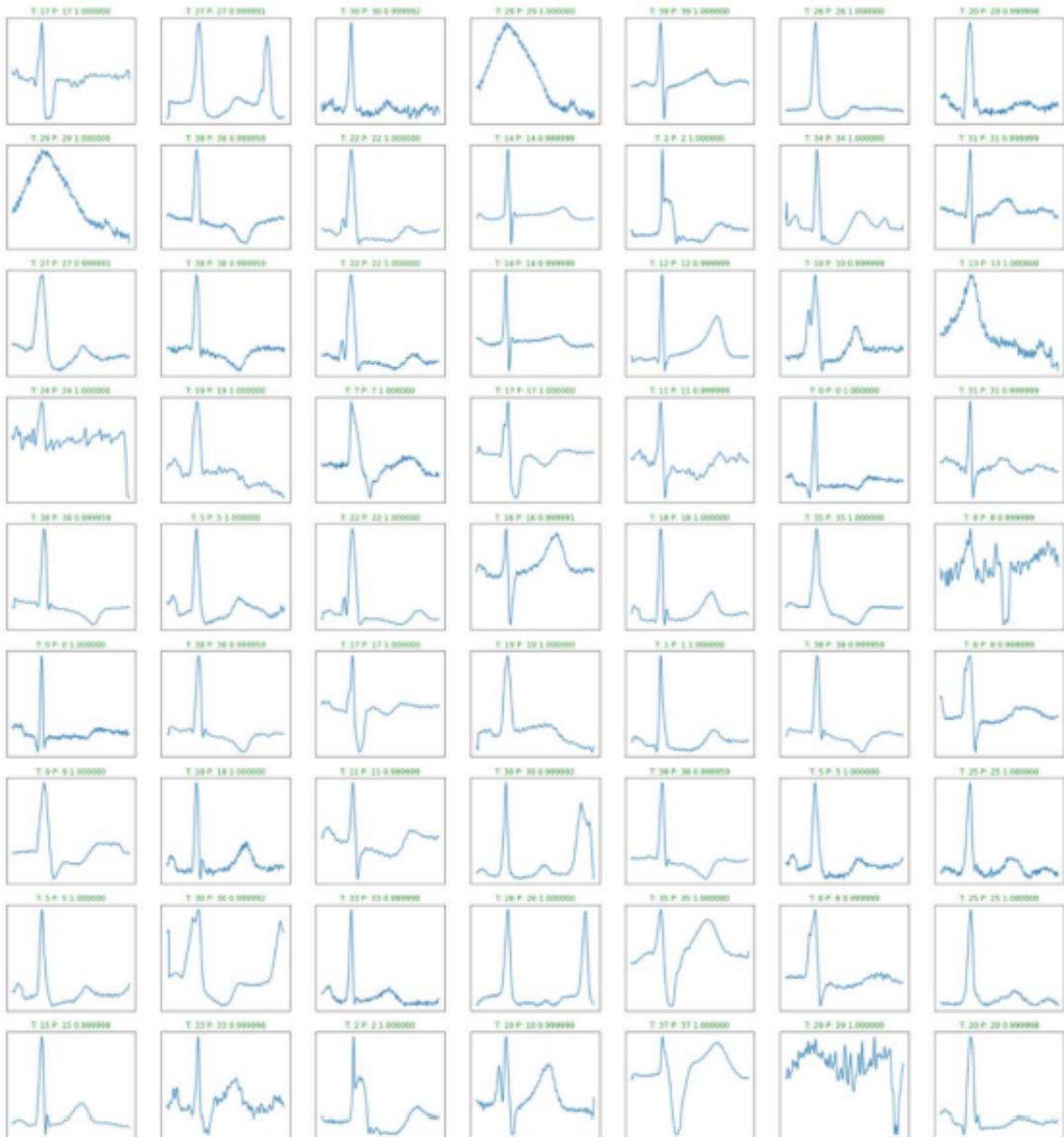


FIGURE 3.8 – Échantillons de test prédits du modèle CNN

3.8 Éthique

Les principales implications éthiques dans le domaine de la biométrie, en particulier des ECG, sont la confidentialité et confidentialité. Si la vie privée implique d'avoir le pouvoir sur comment et quand nous sommes représentés

à d'autres, alors la biométrie qui nous identifie de manière unique peut facilement violer notre vie privée fondamentale. Cela est particulièrement vrai lorsque vous réalisez que les utilisateurs ne surveillent pas la sélection, le stockage ou l'utilisation de ces identités. L'un des principaux avantages de la biométrie signature est qu'elle est propre à chaque personne et qu'elle n'évolue pas dans le temps. Ironiquement, l'invariabilité est peut-être l'une des vulnérabilités des systèmes biométriques. Votre identité et la sécurité sont compromises pour toujours si le système est violé. Nous ne pouvons pas changer notre caractéristiques physiques, comme changer un mot de passe.

3.9 Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre notre modèle réalisé et le traitement des données et on obtient une précision de 99.8%.

CONCLUSION GÉNÉRALE

Le rapport présente une approche biométrique basée sur l'ECG basée sur apprentissage. Grâce à l'utilisation de réseaux de neurones convolutifs pour extraire fonctionnalités qui permettent d'effectuer une identification en ensemble fermé, une vérification d'identité et réauthentification périodique. Pour évaluer la performance de l'étude, le modèle sera testé sur des échantillons de test obtenus à partir de la base de données ECG-ID pour l'identification en ensemble fermé, vérification d'identité et authentification. Les travaux futurs au-delà de cette étude devraient tenir compte le développement d'ensembles de données ECG complets pour permettre une exploration avancée systèmes biométriques sécurisés. Bien que les deux domaines soient en développement et novices, les systèmes biométriques bénéficieront de manière significative de l'apprentissage incrémental des réseaux neuro-naux

Bibliographie

- [1] Zachi I ATTIA et al. “Screening for cardiac contractile dysfunction using an artificial intelligence–enabled electrocardiogram”. In : *Nature medicine* 25.1 (2019), p. 70-74.
- [2] ZINEB BENRETEM. “Exploitation des séries chronologiques pour l'étude des données évolutives”. In : (2021).
- [3] L. BIEL et al. “ECG analysis: a new approach in human identification”. In : *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement* 50.3 (2001), p. 808-812. DOI : 10.1109/19.930458.
- [4] Filipe CANENTO et al. “Review and comparison of real time electrocardiogram segmentation algorithms for biometric applications”. In : *Proc. 6th Int. Conf. Health Inform. (HEALTHINF)*. 2013.
- [5] João M. CARVALHO, Susana BRÁS et Armando J. PINHO. *Compression-Based ECG Biometric Identification Using a Non-fiducial Approach*. 2018. DOI : 10.48550/ARXIV.1804.00959. URL : <https://arxiv.org/abs/1804.00959>.
- [6] Adrian D. C. CHAN et al. “Wavelet Distance Measure for Person Identification Using Electrocardiograms”. In : *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement* 57.2 (2008), p. 248-253. DOI : 10.1109/TIM.2007.909996.
- [7] Ivaylo I CHRISTOV. “Real time electrocardiogram QRS detection using combined adaptive threshold”. In : *Biomedical engineering online* 3.1 (2004), p. 1-9.
- [8] Zahra EBRAHIMI et al. “A review on deep learning methods for ECG arrhythmia classification”. In : *Expert Systems with Applications: X* 7 (2020), p. 100033.
- [9] Tenth EDITION et George B MOODY. “WFDB Programmer’s Guide”. In : () .
- [10] Hany FERDINANDO, Tapio SEPPÄNEN et Esko ALASAARELA. “Bivariate empirical mode decomposition for ECG-based biometric identification with emotional data”. In : *2017 39th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*. 2017, p. 450-453. DOI : 10.1109/EMBC.2017.8036859.
- [11] Pat HAMILTON. “Open source ECG analysis”. In : *Computers in cardiology*. IEEE. 2002, p. 101-104.

-
- [12] R. HOEKEMA, G.J.H. UIJEN et A. van OOSTEROM. "Geometrical aspects of the inter-individual variability of multilead ECG recordings". In : *Computers in Cardiology 1999. Vol.26 (Cat. No.99CH37004)*. 1999, p. 499-502. DOI : 10.1109/CIC.1999.826017.
 - [13] Amine NAIT-ALI. "Hidden biometrics: Towards using biosignals and biomedical images for security applications". In : *International Workshop on Systems, Signal Processing and their Applications, WOSSPA*. IEEE. 2011, p. 352-356.