

# 手写运动的协作基元合成分析方法

刘 敏, 王国利

(中山大学 信息科学与技术学院, 广东 广州 510006)

**摘要:**研究一种生物运动神经控制机理与数据合成分析相结合的手写运动分析方法。特别地,将运动协作基元的概念用于手写运动数据分析,研究手写运动的协作基元合成分析方法,建立符合生物运动神经控制规律的手写运动数据理解模式。提出的协作基元合成分析过程由2个交替迭代的优化算法组成:其一,基于非负矩阵因子分解模式估计协作基元及调制幅度;其二,采用相似性最大化准则估计协作基元的激活时间。针对笔画切分的实验研究表明,采用协作基元合成分析方法获得的笔画切分结果,能够很好揭示相邻笔画之间的重叠连接模式,证实了所提方法的有效性。

**关键词:**手写运动;运动基元;合成分析;非负矩阵分解;生物运动神经控制;相似最大化准则

中图分类号:TP39 文献标识码:A 文章编号:1673-4785(2010)05-0405-06

## Handwriting movement analysis by synthesis of synergic primitives

LIU Min, WANG Guo-li

(School of Information Science and Technology, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510006, China)

**Abstract:** A novel methodology of handwriting analysis was explored in relation to the biological motor control hypothesis and the data analysis by a synthetic approach. In particular, the main concern was the issue of handwriting data analysis with movement primitives, in which the analysis by a synthetic approach was presented to build a data understanding paradigm that respects the synergic hypothesis of the biological motor control. The proposed synthetic analysis approach was comprised of two alternately iterative optimization algorithms; the non-negative matrix factorization paradigm was applied for primitive decompositions while the correlative maximization principle was employed for estimating activation time of synergic primitive. The experimental studies for stroke segmentation obtained by the synthesis of synergic primitives validate the proposed method by showing that the superposed connection mode of neighboring strokes can be recognized from handwriting data.

**Keywords:** handwriting movement; movement primitives; synthetic analysis; non-negative matrix factorization; biological motor control; correlative maximization principle

揭示生物运动神经控制的计算机制是运动行为分析的重要内容<sup>[1]</sup>,在运动神经认知<sup>[2]</sup>、仿生机器人<sup>[3]</sup>、运动神经疾病诊疗和康复<sup>[4]</sup>、人机交互界面设计<sup>[5]</sup>等领域有重要的应用。手写运动分析是神经计算等研究领域最受关注的研究热点<sup>[6]</sup>,其中揭示手写运动生成规律所涉及的数据表示和数据处理方法的研究已引起广泛关注<sup>[7-9]</sup>。本文采用合成分析的模式,研究从观测的手写数据中获取手写运动生

成计算模型的数据表示和数据处理方法。

运动神经控制协作是生物运动神经认知和神经计算领域的核心概念和研究基础<sup>[10]</sup>,在认识和分析运动神经控制机理方面发挥着重要作用。协作基元假说认为,复杂的运动神经控制过程都可以看成是由若干简单的基本运动神经控制模式(即运动基元)混合叠加的结果<sup>[11]</sup>。将协作基元假说引入到获取手写运动生成计算模型的数据表示和数据处理方法中,特别地,采用协作基元卷积混叠的手写数据表示形式,给出了协作基元合成分析的手写数据处理方法。

本文研究的主要贡献包括:1)将生物运动神经

收稿日期:2009-12-10。

基金项目:国家自然科学基金资助项目(60775055)。

通信作者:王国利。E-mail: isswgl@mail.sysu.edu.cn。

控制协作机理与手写运动数据合成分析方法结合,建立了协作基元合成分析模型、较动力学模型<sup>[12]</sup>、微分几何模型<sup>[13]</sup>、运动学模型<sup>[7]</sup>等手写分析方法,它依赖和受限于特定模型机理的适应范围,具有更普遍的适用性;2)在手写数据协作基元合成分析过程中,引入协作基元激活时间参量,强调协作基元的异步特性,是对已有同步控制协作基元混合表示模型<sup>[14]</sup>的发展;3)提出的手写运动合成分析方法,在功能上实现了手写运动过程由复杂到简单的分解,较已有的基于时间或空间的笔画切割策略<sup>[15]</sup>,允许手写运动协作基元在时间和空间上发生重叠,更符合生物运动神经控制规律<sup>[16]</sup>.

## 1 问题描述及方法概述

本文提出的手写运动数据合成分析方法涉及以下2个关键环节.首先,需要表示出手写运动数据的合成分析模型.其次在此基础上,建立手写数据合成分析的实现算法.其中,生物运动协作基元假说是本文手写运动数据合成分析方法的基础<sup>[10]</sup>.

如前所述,大量的生物神经运动生理学实验证据表明,运动神经中枢是在速度域上组织实施手写运动协作基元的调制和合成过程<sup>[7,14]</sup>.本文在手写数据合成分析的过程中将以此为基础,建立手写数据的协作基元表示模型.特别地,将观测的手写运动在速度域上表示成向量  $\mathbf{m}(t)$ ,将手写运动协作基元模型化为一组向量波形函数  $\{\mathbf{w}_i(t)\}_{i=1}^N$ ,则手写运动的发生过程可以模型化为

$$\mathbf{m}(t) = \sum_{i=1}^N c_i \mathbf{w}_i(t - \tau_i). \quad (1)$$

式中: $\tau_i$  和  $c_i$  分别为第  $i$  个协作基元的激活时间和调制幅度.从数据分析的角度,式(1)右端可以看作是对左端观测手写数据的解释;从数据合成的角度,式(1)右端给出了协作基元合成手写数据的模型.将手写运动数据合成分析的任务描述成:

**问题 1** 对于给定观测数据  $\mathbf{m}(t)$ ,如何获得式(1)右端的数据表示?

上述问题可以归结为协作基元  $\mathbf{w}_i(t)$  的提取,以及激活时间  $\tau_i$  和调制幅度  $c_i$  的估计问题.

**注解 1** 本文关注通过数位板获取的手写运动数据,将笔端运动速率作为观测数据  $\mathbf{m}(t)$ ,即

$$\mathbf{m}(t) = \begin{bmatrix} v_x(t) \\ v_y(t) \end{bmatrix}.$$

式中: $v_x(t)$  和  $v_y(t)$  分别为笔端运动速率在  $X$  轴和

$Y$  轴的分量.给定笔端初始位置  $\mathbf{p}_0 = [x_0 \ y_0]^T$ ,一次连续的笔端运动轨迹  $\mathbf{p}(t) = [x(t) \ y(t)]^T$  可以表示为

$$\begin{cases} x(t) = x_0 + \int_0^t v_x(\tau) d\tau, \\ y(t) = y_0 + \int_0^t v_y(\tau) d\tau. \end{cases} \quad (2)$$

**注解 2** 在平面速度域上,依据生物运动神经协作基元假说,协作基元  $\mathbf{w}_i(t)$  对手写运动的贡献是以波形向量作为整体参与的,即  $\mathbf{w}_i(t)$  一旦被激活将执行整个过程.特别地,可以将  $\mathbf{w}_i(t)$  理解为特定笔划单元的运动生成模板,其起始和终止状态自然约束为零.需要指出的是,在时间轴上允许不同的协作基元发生重叠和交叉,对应笔画的光滑连接.

**注解 3** 序列  $\{\tau_i, c_i\}$  可以理解为实现手写运动的指令参数,在  $\tau_i$  时刻激活并以幅值  $c_i$  调制  $\mathbf{w}_i(t)$  的控制输入可以描述为  $c^{(i)}(t) = c_i \delta(t - \tau_i)$ ,对应的输出响应  $(c^{(i)} * \mathbf{w}_i)(t)$  为  $\mathbf{w}_i(t)$  对手写运动的贡献.如图 1 所示,式(1)可以等价地表示成如下卷积叠加形式:

$$\mathbf{m}(t) = \sum_{i=1}^N (c^{(i)} * \mathbf{w}_i)(t). \quad (3)$$

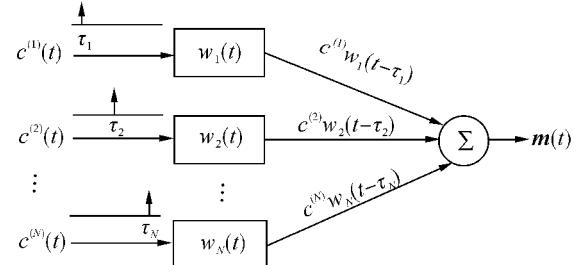


图 1 手写运动数据表示模型

Fig. 1 Data represent model for handwriting movement

综合注解 1 和 2,作以下合理的约定:

**假设 1**  $\mathbf{m}(t)$  的支集  $\text{supp}(\mathbf{m}(t))$  覆盖  $\mathbf{w}_i(t - \tau_i)$  的支集  $\text{supp}(\mathbf{w}_i(t - \tau_i))$ ,且

$$\text{supp}(\mathbf{m}(t)) = \bigcup_i \text{supp}(\mathbf{w}_i(t - \tau_i)).$$

当控制指令  $c^{(i)}(t)$  形式上退化为  $c^{(i)}(t) = c_i \delta(t)$  时,即假定所有协作基元  $\mathbf{w}_i(t)$  以同步的方式发生,则问题 1 可以简化为波形分析问题<sup>[17]</sup>.然而,在手写运动生成过程中,协作基元是以非同步方式发生的,激活时间  $\{\tau_i\}$  具有重要的生物运动神经控制意义.因此问题 1 可以看成是参数化的波形分析问题.由于激活时间  $\{\tau_i\}$  同样是待定的参数,已有的波形分析方法不再适用,这也是解决问题 1 面临的新的技术难点.为此,将问题 1 分解成 2 个子问题:

**问题2** 已知激活时间 $\{\tau_i\}$ 的情形下,确定协作基元 $\{w_i(t)\}$ 和调制幅度 $\{c_i\}$ .

**问题3** 已知协作基元 $\{w_i(t)\}$ 和调制幅度 $\{c_i\}$ 的情形下,估计激活时间 $\{\tau_i\}$ .

本文求解问题1的基本思路是:采用交替迭代计算模式组织上述2个子问题的求解过程,进而间接实现问题1的求解.特别地,在每一轮迭代过程中,问题2的求解环节将以上一轮问题3的求解结果作为激活时间 $\{\tau_i\}$ 的估计值,问题3的求解环节则以此轮问题2的结果作为协作基元 $\{w_i(t)\}$ 和调制幅度 $\{c_i\}$ 的估计,由此形成问题1的交替迭代求解过程.不难看出,寻找问题2和问题3的求解方法成为解决问题1的关键,是本文的主要研究内容.需要指出的是,在问题2中,尽管激活时间 $\{\tau_i\}$ 已知,但考虑到协作基元的异步发生方式以及非负约束特性,仍然是求解问题1的难点问题.下一节将详细讨论实现问题2和问题3的求解方法.

## 2 主要结果

如上节所述,解决问题1的关键技术环节是寻找问题2和问题3的求解方法,即协作基元分解和激活时间参数估计的方法,这是本节重点讨论的内容.首先建立协作基元分解的实现方法,然后给出激活时间的估计策略.

### 2.1 手写运动协作基元的分解

考虑采用数位板获取的手写运动的离散采样数据 $\{m(t_j), j=1, 2, \dots, T\}$ .本文拟在式(1)或式(3)的基础上,将手写数据表示为因子分解的形式,进而能够利用因子分解的手段实现协作基元的波形分解.为此,按如下方式构造手写运动观测数据矩阵 $M$ :

$$M = \text{col}\{m(t_1), m(t_2), \dots, m(t_T)\}. \quad (4)$$

式中: $\text{col}\{v_1, v_2, \dots, v_m\}$ 表示由向量序列 $\{v_j\}$ 按列排成的矩阵.换言之,矩阵 $M$ 的第 $j$ 列为手写运动的第 $j$ 个观测样本 $m(t_j)$ ,对应第 $i$ 个协作基元 $w_i(t)$ .定义波形矩阵:

$$W_i = \text{col}\{w_i(t_1), w_i(t_2), \dots, w_i(t_T)\}. \quad (5)$$

进一步定义:

$$W = [W_1 \ W_2 \ \cdots \ W_N]. \quad (6)$$

不失一般性,以下将激活时间 $\tau_i$ 理解为 $t_{l_i}$ ,其中 $1 \leq l_i \leq T$ , $1 \leq i \leq i' \leq N$ .注意到:

$$W_i \Theta_{\tau_i} = \text{col}\{\underbrace{0, \dots, 0}_{l_i}, w_i(t), \dots, w_i(t_{T-l_i})\}. \quad (7)$$

式中: $\Theta_{\tau_i}$ 是 $T \times T$ 方阵,且

$$\Theta_{\tau_i} = \text{col}\{\underbrace{0, \dots, 0}_{l_i}, e_1, \dots, e_{T-\tau_i}\}. \quad (8)$$

式中: $\mathbf{0}$ 为全零的列向量, $e_k$ 表示仅有第 $k$ 个元素为1其余为零的 $T$ 维列向量.结合式(6)~(8),得到

$$WH_i = W_i \Theta_{\tau_i}. \quad (9)$$

式中: $H_i$ 为第 $i$ 个波形的调制结构矩阵,定义为

$$H_i = [\underbrace{0 \cdots 0}_{i-1} \ \Theta_{\tau_i}^T \ \underbrace{0 \cdots 0}_{N-i}]^T. \quad (10)$$

式中: $\mathbf{0}$ 是 $T \times T$ 方阵.综合式(1)、(4)、(5)、(7)和(9),得到矩阵因子分解的表示形式:

$$M = WH. \quad (11)$$

式中: $H = \sum_{i=1}^N c_i H_i$ .

**注解4** 式(11)给出了手写运动数据的结构化因子分解表示形式,其中调制结构矩阵 $H_i$ 完全由激活时间 $\tau_i$ 确定,是对矩阵因子 $H$ 的结构约束.

至此,问题2的求解可以归结为如下带结构约束的矩阵因子分解问题.

**问题4** 对于数据矩阵 $M$ 以及结构约束矩阵 $\{H_i\}$ ,确定 $\hat{W}$ 和 $\hat{c} = [\hat{c}_1 \ \hat{c}_2 \ \cdots \ \hat{c}_N]^T$ 使得

$$(\hat{W}, \hat{c}) = \arg \min_{W, c} J(W, c) = :$$

$$\|M - WH\|^2_F,$$

$$[W]_{ij} \geq 0, c_k \geq 0, \forall i, j, k. \quad (12)$$

式中: $\|A\|_F = \text{tr}(A^T A)^{1/2} = (\sum_{i,j} a_{ij}^2)^{1/2}$ 为Frobenius范数, $[A]_{kl}$ 表示矩阵 $A$ 中 $(k, l)$ 处的元素.

**注解5** 对于按式(4)构造的手写数据矩阵 $M$ ,一旦获得问题4的解 $\hat{W}$ ,则按式(5)和(6)可直接提取出手写运动基元波形的离散序列 $\{\hat{w}_i(t_j)\}$ .

**注解6** 问题4的优化目标可以理解为极小化合成分析模型(1)重构观测手写数据的二次残差.注意到手写运动协作基元是描述手写运动在 $X$ 轴和 $Y$ 轴速率分量的发生过程.为此,在问题4中引入非负约束,以排除不合理的运动协作基元分解模式.

不难发现,问题4面临着与无结构约束的非负矩阵因子分解相同的挑战,即目标函数 $J(W, c)$ 关于 $(W, c)$ 是非凸的.但同样可以借助 $J(W, c)$ 分别关于 $W$ 和 $c$ 的凸性,将问题4的求解问题分解为交替迭代的2个凸优化过程.以下将结合梯度速降的迭代策略建立问题4的交替迭代求解算法.

分别计算 $J(W, c)$ 关于 $W$ 和 $c$ 的梯度,得到

$$\frac{\partial J}{\partial W} = -2(MH^T - WHH^T),$$

$$\frac{\partial J}{\partial c_i} = -2\text{tr}(M^T W \Theta_{\tau_i} - H^T W^T W \Theta_{\tau_i}).$$

则求解问题4对应的增量迭代规律可以表示成:

$$[\hat{W}]_{kl} \leftarrow [\hat{W}]_{kl} + \delta_{kl} [MH^T - WHH^T]_{kl}, \quad (13)$$

$$\hat{c}_i \leftarrow \hat{c}_i + \eta_i \text{tr}(M^T \hat{W} \Theta_{\tau_i} - H^T \hat{W}^T \hat{W} \Theta_{\tau_i}). \quad (14)$$

式中;  $\delta_{kl}$  和  $\eta_i$  是迭代步长因子. 为了保证非负约束得到满足, 需要对上述增量迭代过程施加必要的约束, 迭代步长因子选择就是其中一种有效的手段. 特别地, 通过选择合适的迭代步长因子, 将式(13)、(14)中的加性迭代模式转化为乘性迭代模式, 就能够满足非负约束的要求. 为此, 分别选取  $\delta_{kl}$  和  $\eta_i$  为

$$\delta_{kl} = \frac{[\hat{\mathbf{W}}]_{kl}}{[\hat{\mathbf{W}}\hat{\mathbf{H}}\hat{\mathbf{H}}^T]_{kl}}, \quad \eta_i = \frac{\hat{c}_i}{\text{tr}(\hat{\mathbf{H}}^T\hat{\mathbf{W}}^T\hat{\mathbf{W}}\Theta_{\tau_i})}.$$

则式(13)、(14)可以重新表示成以下乘性迭代模式:

$$[\hat{\mathbf{W}}]_{kl} \leftarrow [\hat{\mathbf{W}}]_{kl} \frac{[\mathbf{M}\hat{\mathbf{H}}^T]_{kl}}{[\hat{\mathbf{W}}\hat{\mathbf{H}}\hat{\mathbf{H}}^T]_{kl}}, \quad (15)$$

$$\hat{c}_i \leftarrow \hat{c}_i \frac{\text{tr}(\mathbf{M}^T\hat{\mathbf{W}}\Theta_{\tau_i})}{\text{tr}(\hat{\mathbf{H}}^T\hat{\mathbf{W}}^T\hat{\mathbf{W}}\Theta_{\tau_i})}. \quad (16)$$

求解上述问题 4 的算法总结如下: 在初始化  $\hat{\mathbf{W}}$  和  $\hat{c}$  的基础上, 每一轮的交替迭代可以首先利用上一轮  $\hat{c}$  的估计值计算出  $\hat{\mathbf{H}}$ , 进而利用式(16)更新  $\hat{c}$ , 在此基础上用式(15)更新  $\hat{\mathbf{W}}$ , 对比上一轮和本轮  $J(\hat{\mathbf{W}}, \hat{c})$  的值, 若无明显变化, 就结束迭代过程, 否则继续重复交替迭代过程.

## 2.2 激活时间参数的估计

由式(1)或(3)知道,  $w_i(t - \tau_i)$  对生成  $\mathbf{m}(t)$  的贡献仅限于区间  $\text{supp}(w_i(t - \tau_i))$ . 换言之,  $w_i(t - \tau_i)$  与  $\mathbf{m}(t)$  在  $\text{supp}(w_i(t - \tau_i))$  上的波形最有可能匹配. 因此, 若将  $c_i w_i \Theta_\tau$  作为波形模板, 通过与  $\mathbf{M}$  进行匹配, 就有可能确定出  $\text{supp}(w_i(t - \tau_i))$  或者激活时间  $\tau_i$ . 基于上述思想, 将问题 3 的求解问题归结为以下优化问题.

**问题 5** 对于每个  $i, c_i \neq 0$ , 确定激活时间  $\hat{\tau}_i$  使得

$$\hat{\tau}_i = \arg \min_{\tau \in Y_i} V_i(\tau) =: \|\mathbf{M} - c_i \mathbf{W}_i \Theta_\tau\|_F^2.$$

式中:  $Y_i$  定义为

$$Y_i = \{t_j \mid \text{supp}(w_i(t - t_j)) \subset \text{supp}(\mathbf{m}(t))\}. \quad (17)$$

**注解 7** 式(17)给出了保证模板整体匹配的允许参数  $\tau$  的集合. 特别地, 对  $\forall \tau \in Y_i$ , 有

$$\sum_{j=1}^T \|w_i(t_j - \tau)\|^2 = \sum_{j=1}^T \|w_i(t_j)\|^2. \quad (18)$$

容易验证  $V_i(\tau)$  可以等价地表示为

$$V_i(\tau) = \sum_{j=1}^T [\mathbf{m}(t_j) - c_i w_i(t_j - \tau)]^2 = d_i - 2c_i r_i(\tau).$$

式中:

$$d_i =: \sum_{j=1}^T [\|\mathbf{m}(t_j)\|^2 + c_i^2 \|w_i(t_j)\|^2],$$

$$r_i(\tau) = \sum_{j=1}^T \mathbf{m}^T(t_j) w_i(t_j - \tau). \quad (19)$$

特别地, 式(19)与参数  $\tau$  的无关特性是由等式关系

式(18)导出的. 因此, 可以通过对  $r_i(\tau)$  在  $Y_i$  上的峰值检测过程来求解问题 5, 即

$$\hat{\tau}_i = \arg \max_{\tau \in Y_i} r_i(\tau) = \sum_{j=1}^T \mathbf{m}^T(t_j) w_i(t_j - \tau).$$

其等价地可以写成:

$$\hat{\tau}_i = \arg \max_{\tau \in Y_i} \text{maxtr}(\mathbf{M}^T \mathbf{W}_i \Theta_\tau).$$

**注解 8**  $r_i(\tau)$  可以看成  $\mathbf{M}$  和  $\mathbf{W}_i \Theta_\tau$  的一种相似性度量, 即上述激活时间的估计过程是一种基于相似性最大化准则的策略.

## 3 实验结果

笔画是文字的最小构成单位, 也是最小的文字书写过程. 文字手写过程中, 除了笔画本身, 相邻笔画之间的连接模式也是手写技能的重要表现. 通过切分文字手写运动轨迹, 获得笔画及其连接模式在手写运动分析和理解中有着重要的作用. 例如, 笔画及其连接的光滑性可以用于辅助运动神经控制疾病的诊疗<sup>[18-20]</sup>. 然而, 在手写识别中广泛采用的基于时间或空间点的切分策略<sup>[15,21]</sup>, 无法揭示相邻笔画重叠的连接模式. 本文基于生物运动神经控制机理, 将协作基元作为手写运动的最小构成单位, 形成能够揭示相邻笔画重叠连接模式的合成分析方法. 较已有的非重叠切分策略对比, 基于协作基元合成分析的笔画切分方法具有更为广泛的适用性. 本节将以手写字母‘p’的笔画切分为例, 验证手写运动协作基元提取方法的有效性, 实验流程如图 2 所示.

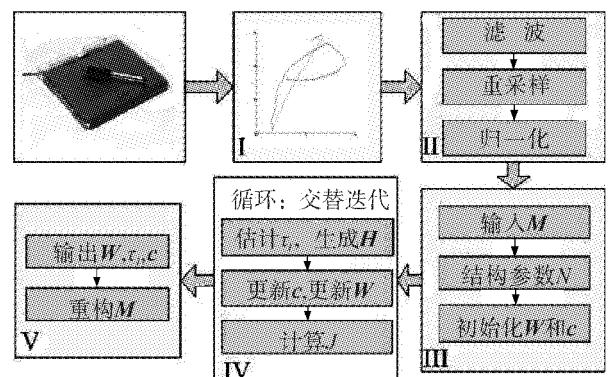


图 2 字母‘p’的笔画切分实验流程

Fig. 2 Diagram of stroke segmentation for letter ‘p’

图 2 前 2 个环节描述了字母‘p’的一次连续手写运动数据采集过程. 采用 WACOM 公司的数位板 Graphire 4 CTE-440 作为手写输入设备, 最大读取速度为 100 点/s, 采样误差小于  $\pm 0.5$  mm. 通过数位板获取笔端的运动轨迹序列, 将其转换成 X 轴和 Y 轴速率序列. 为了去除书写过程的不确定性影响和

数位板产生的噪声干扰,进行常规的滤波、重采样和时间归一化数据预处理,获得 $\{\mathbf{m}(0.01j)\}_{j=1}^{100}$ ,进而构成手写运动数据矩阵 $\mathbf{M}$ 。图3给出了获取的手写运动数据。

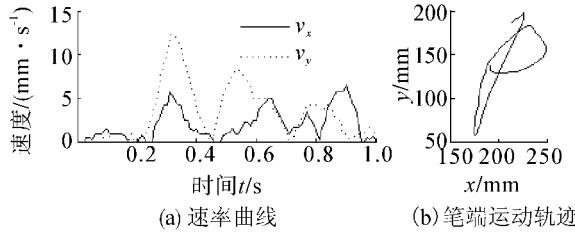


图3 字母‘p’的手写运动数据

Fig. 3 Handwriting movement data of character ‘p’

在图2所示的第3个实验环节中,结合极值检测笔划切分策略<sup>[15]</sup>和笔画运动学模型<sup>[7]</sup>,确定出模型的结构参数及 $\mathbf{W}$ 和 $\mathbf{c}$ 的初值。具体实现方式是:将数据矩阵 $\mathbf{M}$ 进行低通滤波,按速率极小点切分,切分数目作为字母‘p’的笔画数目,结果得到参数 $N$ 为4;将 $\mathbf{M}$ 中对应切分的数据与对数正态函数作匹配<sup>[7]</sup>,对获得的对数正态函数重采样,将相应的数据按 $\mathbf{W}$ 结构装配作为其初值,相应的 $c_i$ 的初值取[0,1]之间的随机数,由此完成 $\mathbf{W}$ 和 $\mathbf{c}$ 的初始化。

图2所示的第4个环节是提出的核心算法。特别地,采用式(20)估计 $\hat{\tau}_i$ ,利用式(10)生成 $\hat{\mathbf{H}}_i$ ,结合 $\hat{\mathbf{c}}$ 形成矩阵 $\hat{\mathbf{H}}$ ,分别利用式(15)、(16)更新 $\hat{\mathbf{W}}$ 和 $\hat{\mathbf{c}}$ ,利用式(12)计算重构残差指标 $J(\hat{\mathbf{W}}, \hat{\mathbf{c}})$ 。图4给出了重构残差 $J(\hat{\mathbf{W}}, \hat{\mathbf{c}})$ 关于迭代次数的变化过程。不难看出,经过15轮交替迭代,重构残差衰减接近至0,表明迭代过程收敛。图5给出了交替迭代15次提取的协作基元波形,其中左列为4个协作基元的速率曲线,右列为根据式(2)生成的笔端轨迹。图6给出了协作基元的调制控制指令参数,包括调制幅值 $c_i$ 和激活时间 $\tau_i$ 。从图6不难看出,基于本文提出的协作基元合成分析方法获得的笔画切分结果,能够很好揭示相邻笔画之间的连接模式,这是单纯利用极值检测切分策略无法获得的。

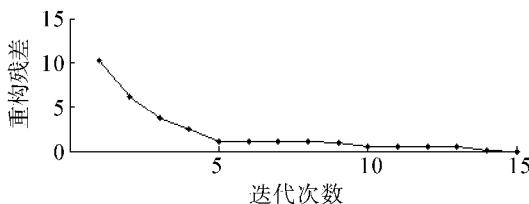


图4 重构残差

Fig. 4 Reconstruction errors

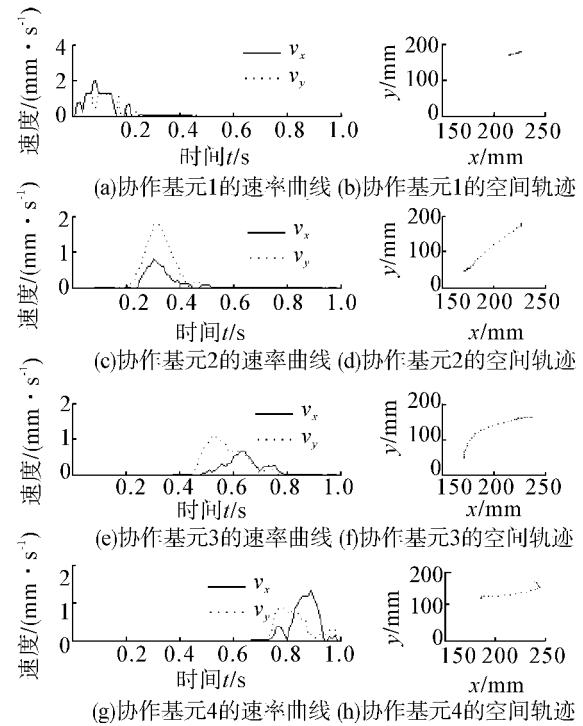


图5 提取的协作基元的速率曲线及笔端运动轨迹

Fig. 5 Four extracted synergy primitives: velocity profiles and pen-tip trajectory

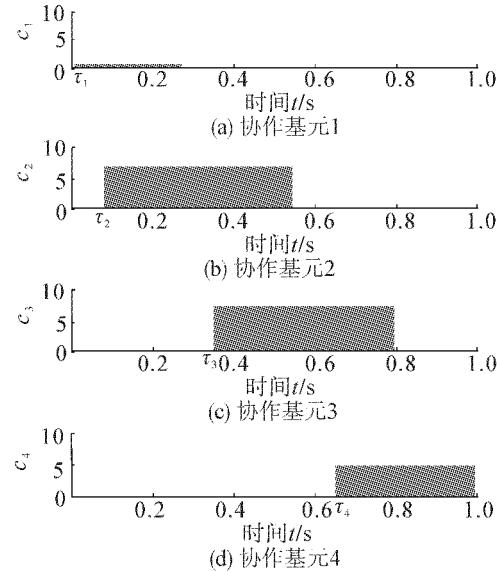


图6 协作基元的调制幅值和激活时间

Fig. 6 Modulation amplitude and activation time for synergy primitives

图2所示的第5个环节中,利用获得的协作基元合成分析模型进行手写数据的重构。图7给出了重构数据 $\mathbf{M}$ 和笔端运动轨迹的结果,进一步验证了手写运动协作基元合成分析结果的正确性。

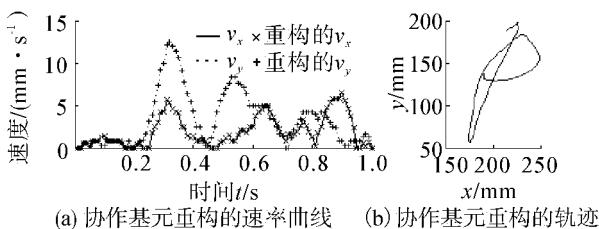


图 7 重构结果  
Fig. 7 Reconstruction results

## 4 结束语

本文将运动神经控制认知中协作基元的概念引入到手写运动分析过程,研究手写运动数据协作基元合成分析方法,提出了交替迭代的实现策略,是对手写运动数据分析方法的丰富和发展。

运动协作基元可以看成运动发生过程中具有独立生物运动神经控制意义的最小构成单位,手写运动协作基元合成分析方法更有助于精细地解析观测数据背后手写运动发生的模式,这一方式具有相当的普适性,更符合生物运动神经控制规律。针对手写笔画切分的实验研究结果表明,协作基元合成分析结果能有效揭示相邻笔画可能的重叠连接模式,可进一步应用于模式识别、仿人机器人、辅助运动神经损伤康复诊断以及人机交互等领域。

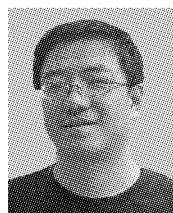
## 参考文献:

- [1] WOLPERT D M, GHAHRAMANI Z. Computational principles of movement neuroscience [J]. *Nature Neuroscience*, 2000, 3: 1212-1217.
- [2] WINTER D A. Biomechanics and motor control of human movement [M]. 2nd ed. New York: John Wiley and Sons, 2004: 14-44.
- [3] JENKINS O C, MATARIC M J. Deriving action and behavior primitives from human motion data [C]//Proceedings of IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems. Lausanne, Switzerland, 2002: 2551-2556.
- [4] BIZZI E. Motor primitives and rehabilitation [C]//Proceedings of Virtual Rehabilitation. Venice, Italy, 2007: 20-22.
- [5] SCHOMAKER L. From handwriting analysis to pen-computer applications [J]. *Electronics & Communication Engineering Journal*, 1998, 10(3): 93-102.
- [6] MARQUARDT C, MAI N. A computational procedure for movement analysis in handwriting [J]. *Journal of Neuroscience Methods*, 1994, 52(1): 39-45.
- [7] PLAMONDON R, DJIOUA M. A multi-level representation paradigm for handwriting stroke generation [J]. *Human Movement Science*, 2006, 25(4/5): 586-607.
- [8] POLYAKOV F, DRORI R, BEN-SHAUL Y, et al. A compact representation of drawing movements with sequences of parabolic primitives [J]. *PLoS Computational Biology*, 2009, 5(7): 1-18.
- [9] BYE R T. The BUMP model of response planning [D]. Sydney, Australia: The University of New South Wales, 2009.
- [10] LATASH M L, SCHOLZ J P, SCHONER G. Toward a new theory of motor synergies [J]. *Motor Control*, 2007, 11(3): 276-308.
- [11] GHAHRAMANI Z. Building blocks of movement [J]. *Nature*, 2000, 407(12): 682-683.
- [12] HOFER J, GRUBER C, SICK B. Biometric analysis of handwriting dynamics using a script generator model [C]//Proceedings of IEEE Mountain Workshop on Adaptive and Learning Systems. Logan, USA, 2006: 36-41.
- [13] FLASH T, HANDZEL A. Affine differential geometry analysis of human arm movements [J]. *Biological Cybernetics*, 2007, 96(6): 577-601.
- [14] MUSSA-IVALDI F A, BIZZI E. Motor learning through the combination of primitives [J]. *Philosophical Transactions: Biological Sciences*, 2000, 355(1404): 1755-1769.
- [15] HOLTSBERG A, STERNBY J. Segmentation-based recognition: United States, US 2006/0110041 A1 [P]. 2005-11-09.
- [16] NOVAK K E, MILLER L E, HOUK J C. The use of overlapping submovements in the control of rapid hand movements [J]. *Experimental Brain Research*, 2002, 144: 351-364.
- [17] GLASER E M, RUCHKIN D S. Principles of neuronbiological signal analysis [M]. New York: Academic Press, 1976: 239-245.
- [18] ROHRER B, FASOLI S, KREBS H I, et al. Movement smoothness changes during stroke recovery [J]. *Journal of Neuroscience*, 2002, 22 (18): 8297-8304.
- [19] VINJAMURI R, CRAMMOND D J, KONDZIOLKA D, et al. Extraction of sources of tremor in hand movements of patients with movement disorders [J]. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 2009, 13(1): 49-56.
- [20] DIPIETRO L, KREBS H I, FASOLI S E, et al. Changing motor synergies in chronic stroke [J]. *J. Neurophysiology*, 2007, 98 (2): 757-768.
- [21] LEE J, YOON H S, SOH J, et al. Using geometric extrema for segment-to-segment characteristics comparison in online signature verification [J]. *Pattern Recognition*, 2004, 37: 93-103.

### 作者简介:



刘 敏,女,1976 年生,博士研究生,主要研究方向为生物信息处理。



王国利,男,1965 年生,教授、博士生导师,德国洪堡学者,中国人工智能学会智能空天系统专业委员会委员,主要研究方向为信息获取与信息处理。主持完成省部级科研项目 6 项,获得省部级科技进步奖 2 次。