



Outils d'analyse musicale et recherche sur le contenu : une démarche musicologique

Jérôme Barthélemy, Alain Bonardi, Marcos Bezerra de Menezes

IRCAM

1, place Igor Stravinsky

75004 Paris France

33 01 44 78 48 43

jerome.barthelemy@ircam.fr, alain.bonardi@ircam.fr, marcos.bezerra@ircam.fr

Résumé

Nous présentons ici les outils d'analyse musicale que nous implémentons dans le cadre du projet européen WedelMusic de distribution électronique de partitions musicales, et comment ces outils servent à enrichir la base de données d'un catalogue local, afin de permettre une recherche sur le contenu. Après une brève description de l'architecture générale du projet Wedel actuellement en cours de développement, et des principes retenus pour la protection du droit des auteurs, nous décrivons les principes de base des procédés que nous mettons en œuvre, et leur justification du point de vue musicologique. Nous décrivons les algorithmes d'extraction de motifs caractéristiques, et les structures musicales sur lesquelles ils portent. Enfin, nous décrivons l'architecture de la base de données, dans la perspective de son extensibilité.

Mots clés : analyse musicale, recherche de motifs similaires, similarité, encodage musical

1. Présentation générale du projet WedelMusic

WedelMusic – pour Web Delivering of Music Scores – est un projet financé par la Communauté Européenne. Il vise la distribution électronique de partitions musicales tout en protégeant les droits des auteurs et des éditeurs. Ce projet est en cours de développement et devrait s'achever en 2002. Il rassemble des partenaires de plusieurs pays, dont deux éditeurs de musique (Ricordi et Suvoni Zerboni en Italie), un laboratoire universitaire (Dipartimento di sistemi et informatica de l'Université de Florence en Italie), des centres de recherche (le Fraunhofer Institute for Computer Graphics en Allemagne, l'Ircam en France, Institute for Language and Speech Processing en Grèce) et d'enseignement (Ecole de Musique de Fiesole en Italie), des organismes institutionnels (Agenzia per l'alta tecnologia en Italie, Studie-en VakBibliotheek voor visuel en anderszins gehandicapt en aux Pays-Bas) et des groupes privés (Artec Group en Europe).

Dans cette optique, les partitions musicales sont mises à disposition du public dans des lieux spécialisés, qui peuvent être des organismes privés ou publics, médiathèques, conservatoires, écoles de musique, librairies musicales etc. Un équipement spécifique, constitué d'une base de données – un catalogue – et d'un ensemble d'outils spécialisés disponibles sur des terminaux est installé dans ces locaux. L'ensemble de ces équipements constitue ce que nous appellerons ici un distributeur local.

L'administrateur du distributeur local constitue son catalogue à partir des catalogues disponibles chez les éditeurs. Le catalogue, ainsi que son contenu, est disponible sur des terminaux, sur un réseau local connecté au Distributeur Local, ainsi que différents outils pour visualiser la partition, pour l'analyser, la transposer, la réduire etc. Le catalogue est de même disponible sur Internet pour des interrogations, et éventuellement pour des recherches sur le



contenu, mais le contenu lui-même ne peut être visualisé, et ce pour des raisons de protection de droits.

1.1. Protection des droits

Dans le projet WedelMusic, une attention particulière est apportée à la protection des droits des auteurs et des éditeurs. Dans cette architecture, les fichiers Wedel – partitions, fichiers MIDI, documents audio – résident toujours sur le serveur sous une forme cryptée.

Pour chaque usage de la partition effectué à l'aide des outils Wedel, une demande d'autorisation est effectuée en ligne auprès du serveur de l'Editeur, et les droits afférents sont reportés auprès de l'administrateur du Distributeur Local. Après obtention de l'autorisation, les objets Wedel résidant dans la base de données du Distributeur Local sont décryptés sur les terminaux à l'aide d'une clé délivrée en ligne.

1.2. Les outils de recherche dans le catalogue

Les outils de recherche dans le catalogue sont basés d'une part sur les méta-données fournies par l'éditeur : titre de l'œuvre, compositeur, dates, classification sommaire, genre etc..., et d'autre part sur des motifs caractéristiques extraits de la partition sur la base des outils d'analyse implémentés sur les terminaux.

Dans le cadre du projet Wedel, il n'est pas possible d'implémenter les outils de recherche sur le contenu directement sur la partition, car celle-ci doit résider sur le serveur sous forme cryptée, et ceci pour répondre aux exigences de protection des droits des auteurs. Il est donc nécessaire de passer par une phase d'extraction de motifs caractéristiques, qui fait l'objet d'une procédure en ligne d'autorisation auprès du serveur de l'éditeur.

Après l'obtention de cette autorisation, les motifs caractéristiques peuvent être stockés sur le serveur sous une forme non cryptée, et peuvent être rendus disponibles pour les outils de recherche sur le contenu.

2. Les principes de base de la détection de motif

La détection automatique de motif caractéristique dans une œuvre musicale pose en premier lieu le problème de la détection des articulations. Les critères que l'on peut envisager pour définir les divisions sont multiples : on pourrait par exemple retenir les pauses, les différences de registre, les différences de timbre, une combinaison de ceux-ci. Aucune de ces solutions ne semble réellement satisfaisante.

Nicolas Ruwet [Ruwet 1966], en étudiant la démarche du musicologue, constate que la méthode est rarement explicitée, aussi bien dans le domaine de la détection du mode que dans le domaine de la détection des divisions, périodes, phrases, membres, incises. Il écrit notamment : « Mais la question cruciale, préliminaire à toutes les autres, est la suivante : quels sont les critères qui, dans tel cas particulier, ont présidé à la division ? Or, cette question, personne ne prend la peine d'y répondre, comme si l'évidence des critères sautait aux yeux. »

Partant de cette constatation, Ruwet retient, comme critère principal de division, la répétition. L'importance de la répétition en musique, et à tous les niveaux, a par ailleurs déjà été abondamment illustrée, notamment par Schoenberg [Schoenberg 1947 ; Schoenberg 1950].



Un des intérêts de ce critère est par ailleurs son apparente universalité. Gilbert Rouget [Rouget 1961] l'applique aux musiques africaines : « certains fragments sont répétés, d'autres ne le sont pas ; c'est sur la répétition – ou l'absence de répétition – qu'est fondé notre découpage. Lorsqu'une suite de sons est énoncée à deux ou plusieurs reprises, avec ou sans variante, elle est considérée comme une unité. »

Il convient bien entendu de noter ici l'emploi du mot « variante ». La variante, ou la variation, joue un rôle aussi important en musique, et généralement dans les arts, au moins occidentaux, que la répétition dont elle est le corollaire quasiment obligé. Ainsi Schoenberg note en 1950 [Schoenberg 1950] : « la musique dans le style homophonique et mélodique, c'est à dire la musique avec un thème principal, accompagné et basé sur l'harmonie, produit son matériel à l'aide de ce que j'appelle le développement par variation. Cela signifie que les variations sur une unité de base produisent toutes les formulations thématiques qui apportent d'une part la fluidité, les contrastes, la variété, la logique et l'unité, et d'autre part le caractère, le mode, l'expression, et toute la différenciation requise, et donc l'idée de la pièce. »

Schoenberg cite maints exemples de ces processus de développement par variation, qu'il étudie notamment chez Brahms ou Mozart, ou bien dans sa propre musique [Schoenberg 1947].

3. Mise en pratique, encodage, modèle et algorithmique

Nous avons choisi d'étudier particulièrement les méthodes et algorithmes utilisés dans le domaine de la biologie, en ce qu'ils semblent poser et résoudre le même type de problèmes que ceux rencontrés dans la détection de motifs musicaux, c'est à dire détection des répétitions, et tolérance aux erreurs, ou aux variantes. Cette similitude a été remarquée et étudiée par de nombreux auteurs : cf par exemple [Crochemore 1998], [Cambouropoulos 1999].

Dans le cas particulier de la biologie, les variations, ou variantes, sont induites principalement par la présence de mutations dans la chaîne d'ADN, mutations qui doivent être révélées par la méthode. Nous examinerons plus précisément, en essayant de les appliquer sur des cas concrets, quelques-unes des méthodes couramment utilisées dans le cas de la biologie. Une bonne revue d'ensemble de ces méthodes peut être trouvée dans [Gusfield 1997].

La méthode de la différence lexicale consiste à mesurer la distance entre deux unités lexicales, à l'aide d'une méthode telle que la distance de Hamming, ou la distance « des pâtés de maison »¹, et à décider de la similarité en se basant sur un seuil , - ou un maximum - à ne pas dépasser.

Nous nous intéresserons aussi au procédé d'alignement de chaînes. Ce procédé consiste à aligner deux chaînes de caractères en y insérant des blancs, de manière à ce que chaque caractère dans l'une des chaînes se trouve placé vis à vis du même caractère dans l'autre chaîne, ou d'un blanc.

Un autre procédé consiste à mesurer la « distance d'édition », c'est à dire l'ensemble des opérations – insertion, suppression, remplacement - qui doivent être effectuées sur une chaîne

¹ La distance de Hamming mesure le nombre d'indices pour lesquels les deux séquences diffèrent. La distance des « pâtés de maison » est la somme des valeurs-absolues des différences.



de caractères pour obtenir la seconde. Ce procédé nous apparaît comme particulièrement intéressant pour ses applications possibles dans le domaine musical.

3.1. Quelques cas

3.1.1. Distance lexicale

Nous examinerons tout d'abord l'application de la distance lexicale sur un simple exemple issu d'une *Invention* de Bach en Fa Majeur :



Figure 1. Les premières mesures de l'*Invention* en Fa Majeur de J.-S. Bach.

Les deux premières occurrences du motif en croches peuvent être encodées par intervalles diatoniques, (indépendamment du qualificatif mineur/majeur/juste), pour les rendre indépendants de la transposition :

x : 3, -3, 5, -5, 8

y : 3, -3, 6, -4, 6

delta : 0, 0, 1, 1, -2

Distance de Hamming : 3

Distance des « pâtés de maison » : 4

Voici maintenant les deux motifs encodés par intervalles (avec le qualificatif mineur/majeur/juste) :

x : 3M, -3M, 5J, -5J, 8J

y : 3m, -3m, 6m, -4J, 6M

Distance de Hamming : 5

Dans ce cas, aucune correspondance n'est trouvée.

Nous pouvons aussi supposer un encodage dans lequel les notes seraient encodées à l'aide de l'intervalle qui les sépare de la première note :

x : 3, 1, 5, 1, 8

y : 3, 1, 6, 3, 8

delta : 0, 0, 1, 2, 0

Distance de Hamming : 2

Distance des « pâtés de maison » : 3

Dans ce cas précis, trois correspondances sont trouvées.

Cet exemple simple met en lumière les difficultés rencontrées en utilisant ce type de méthode. Il pose les questions de savoir comment calculer un indicateur, et comment calculer une limite pour décider si deux motifs sont similaires.

Si nous appliquons la distance de Hamming, nous trouvons dans le premier cas une distance de 3, dans le second une distance de 5, et dans la troisième une distance de 2.



En appliquant la distance des « pâtés de maison », nous trouvons dans le premier cas une distance de 4, dans le troisième une distance de 3 (n'ayant pas établi de règle de mesure de différence dans le deuxième cas, nous ne pouvons pas calculer cette distance).

D'autre part, cela nous permet d'introduire une remarque complémentaire : l'évaluation de similarité basée sur la distance lexicale est fortement liée au choix de la méthode d'encodage.

3.1.2. Alignement de chaînes

Le concept d'alignement de chaînes intéresse le musicologue dans la mesure où il sait que le compositeur procède souvent par insertion de notes supplémentaires, processus connu sous le nom d'ornementation, ou bien au contraire par suppression de notes.

Nous examinerons brièvement les premières mesure de la *Sonate en la mineur* pour piano de Mozart:

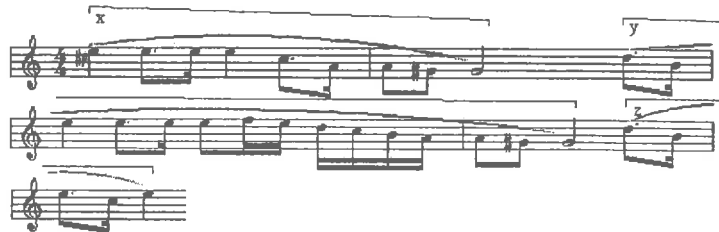


Figure 2. Le début de la Sonate en La mineur de Mozart.

Le second élément, y, est dérivé de x par insertion de notes supplémentaires. Le troisième élément z est dérivé du second par réduction : suppression de la désinence et ornementation. Voici une présentation des trois éléments montrant le résultat de la procédure d'alignement.:



Figure 3. les trois éléments montrant le résultat de la procédure d'alignement.

Nous pouvons observer que les notes alignées occupent la même position rythmique, à l'exception notable du Do dans les deux premiers motifs. Nous pouvons aussi observer que la durée de ce Do dans le premier élément est telle que le Do dans le second élément tombe à l'intérieur de cette durée. Cette observation ne surprendra pas le musicologue habitué à la pratique des retards et des appoggiatures dans la musique des XVIII^e et XIX^e siècles.

Cette observation peut être utilisée pour renforcer la similarité entre les deux motifs, et pourrait être exprimée de la manière suivante : un alignement est trouvé lorsque les notes alignées occupent la même position à l'intérieur de la mesure, ou bien que la position de l'une est comprise entre la position de l'autre et de celle qui la suit.



L'application de cette règle montre que le troisième élément peut être aligné sur le second qui peut lui-même être aligné sur le premier.

Le problème est maintenant de choisir un encodage correct pour montrer ces alignements. Si nous choisissons un encodage basé sur les intervalles, nous ne trouverons pas les alignements. Nous pouvons revenir à un encodage basé sur les notes, ou bien choisir une méthode dans laquelle les intervalles sont encodés par rapport à une note de référence (ici la tonique). Nous obtenons l'alignement suivant :

x : -, -, 5, 5, 5, 5, -, -, -, 3, -, 1, 1, 7, 7
 y : 4, 2, 5, 5, 5, 5, 6, 5, 4, 3, 2, 1, 1, 7, 7

3.1.3. Distance d'édition

Nous allons aborder cette méthode avec un exemple tiré du second mouvement du *Sextuor* de Brahms opus 18.

Le motif des 8 premières mesures, exposé à l'alto, est composé de trois variantes du motif initial de 2 mesures, composé lui-même d'un intervalle de quarte ascendante en anacrouse, suivi d'un accent sur le temps principal, et d'une désinence en forme de seconde ascendante, avec une ornementation très simple formée d'une simple broderie. Ce motif est répété deux fois, et modifié par augmentation de l'intervalle initial successivement en sixte, puis en octave, et par insertion d'une ornementation complexe pour remplacer la simple broderie. Ce motif est présenté ci-dessous de manière à montrer le résultat d'un alignement :



Figure 4. Le thème principal du second mouvement du *Sextuor* de Brahms opus 18.

Malheureusement, il est impossible d'appliquer strictement ici une procédure d'alignement, du fait de la modification de l'intervalle initial. De plus, le choix d'un encodage basé sur les intervalles rendrait l'alignement des deux dernières notes impossible. Le choix d'un encodage basé sur les notes rendrait l'alignement impossible du fait de la transposition.

Nous avons choisi une représentation par intervalles pour étudier la distance d'édition, dans laquelle les intervalles sont codés avec leur valeur, suivi d'un + ou d'un - pour indiquer la direction (dans cet encodage, l'ornementation explicitement écrite en « petites notes » est délibérément ignorée) :

Premier élément : 4+, 2+, 2+, 2-

Second élément : 6+, 2+, 2+, 2-

Troisième élément : 8+, 2+, 2+, 2+, 2-, 6-, 2+, 2+, 2+, 2+, 2-, 2+, 2+

Pour obtenir la transcription de la distance d'édition, nous choisissons d'écrire un A lorsqu'un intervalle est augmenté, un D lorsqu'un intervalle est réduit, un 0 lorsqu'il n'y a pas de modification, un - lorsqu'un intervalle change de direction, et un I pour une ou plusieurs insertions successives (nous ignorons délibérément ici l'ornementation explicitement écrite en petites notes).



La transcription d'édition du premier au second élément : A, 0, 0, 0

La transcription d'édition du second au troisième élément : A, 0, 0, –, I

Nous pouvons considérer que ces transcriptions sont de « bonnes transcriptions », et peuvent être stockées en tant que telles pour servir de références ultérieures (bien entendu, il s'agit là d'une décision prise par le musicologue, et non par un processus automatique).

3.2. Choix de la méthode d'encodage, et introduction des descripteurs.

Nous avons constaté à plusieurs reprises que le choix de la méthode d'encodage influençait fortement les résultats des procédures de comparaison. Cette remarque a déjà été faite par le passé, et notamment par P.-Y. Rolland dans sa thèse de doctorat « Découverte automatique de régularité dans les séquences et application à l'analyse musicale » [Rolland 1998]. Nous décrivons ici deux descripteurs particuliers, le descripteur de contour en ce qu'il peut fournir une base pour la détection

3.2.1. Descripteur de contour

Cette méthode encode chaque intervalle avec un c pour un intervalle conjoint, un d pour un intervalle disjoint, avec un + ou un – indiquant la direction. Une note répétée est encodée avec un =. Appliquée à l'Invention de J.-S. Bach ci dessus, cette méthode donnera le descripteur suivant : +d, -d, +d, -d, +d, -c, -c, -c, +c, -c, -c, -c, +c, -c, -c, -c, +d, +d, -d, +d, -d, +d etc... Une simple procédure de détection des répétitions exactes révèle immédiatement la paire maximale² suivante : +d, -d, +d, -d, +d

Si nous appliquons cette méthode à un corpus de quelque importance, nous obtiendrons probablement une avalanche de résultats, dû au fait qu'il n'existe que 3125 combinaisons de 5 éléments différents employant un alphabet de 5 caractères. Ces résultats peuvent être validés - ou invalidés - par des procédures complémentaires de comparaison appliqués sur des descripteurs de plus haut niveau, par exemple par calcul de la distance lexicale, ou bien par comparaison de la transcription de la distance d'édition avec une transcription de référence, ou bien par comparaison de la structure rythmique.

3.2.2. Descripteur de mélodie et position rythmique

Dans l'exemple de la *Sonate* de Mozart étudié ci-dessus, nous avons vu que l'encodage correct pour appliquer un alignement devait être basé sur les notes et non sur les intervalles. Ce type d'encodage est dépendant de la transposition, ce qui signifie que si une transposition intervient, nous ne pouvons pas détecter d'alignement, sinon en effectuant des calculs complexes qui vont aboutir à un algorithme inefficace.

Une solution à ce problème pourrait être trouvée en encodant plusieurs fois la même mélodie à l'aide des intervalles la séparant d'une note de référence, et en choisissant une note différente à chaque fois. Nous ajoutons aussi un encodage correspondant à la position de la note à l'intérieur de la mesure (par rapport à l'unité de la double croche).

² Une paire maximale est une paire de chaînes telles que les éléments placés immédiatement à la droite et à la gauche de la première sont différents des éléments placés à la droite et à la gauche des éléments placés immédiatement à la droite et à la gauche de la seconde.



Appliqué au *Sextuor* de Brahms, cet encodage donne les résultats suivants :

Avec le Ré comme note de référence :

5:12, 1:0, 2:8, 3:12, 2:0, 5:12, 3:0, 4:8, 5:12, 4:0, 4:12, 4:0, 5:8, 6:12, 7:0, 6:10, 1:12, 2:14, 3:0, 4:8, 5:10, 4:11, 3:12, 4:14, 5:0

Avec le Sol comme note de référence:

2:12, 5:0, 6:8, 7:12, 6:0, 2:12, 7:0, 1:8, 2:12, 1:0, 1:12, 1:0, 2:8, 3:12, 4:0, 3:10, 5:12, 6:14, 7:0, 1:8, 2:10, 1:11, 7:12, 1:14, 2:0

Les éléments alignés sont soulignés.

Il convient de constater que l'intervalle initial n'est pas inclus dans cet alignement, c'est dire que cette procédure ne nous semble pas encore satisfaisante pour détecter cette similarité.

3.2.3. Formalisation des descripteurs

Avant de décrire plus précisément le modèle mis en oeuvre, nous donnons ici quelques précisions sur la formalisation des descripteurs tels que nous les mettons en oeuvre.

Chaque descripteur doit définir les éléments suivants :

- Un identifiant de type, unique.
- L'alphabet (le jeu de caractères), et l'élément vide (un élément qui ne peut jamais apparaître dans une chaîne)
- Le "facteur de perte d'information", ou, a contrario, le facteur de précision.
- Les dépendances (les descripteurs dont il est dérivé).
- Les méthodes qui peuvent lui être appliquées.
- La taille minimum d'un élément.

3.3. Modèle

L'ensemble de ces constatations nous amène à développer un modèle dans lequel la recherche des motifs caractéristiques est effectuée en plusieurs temps :

Premièrement, une recherche de répétition exactes dans ce que nous appelons des descripteurs « de bas niveau » (par exemple, le descripteur de contour défini ci-dessus). Deuxièmement, une phase de vérification - consolidation des motifs trouvés, par recherche de motifs similaires dans les descripteurs « de haut niveau ».

Cette phase est elle même divisée en deux phases :

- une première phase de « vérification » : pour chaque paire trouvée, une évaluation de similarité est effectuée sur des descripteurs différents (par application des procédures de différence lexicale ou de distance d'édition). Les paires non vérifiées sont rejetées.
- une deuxième phase de « consolidation » dans laquelle les motifs retenus (les différentes instances des paires) font l'objet d'une recherche exhaustive de motifs similaires, par application des procédures d'alignement (et utilisation des algorithmes de programmation dynamique). Cette phase doit permettre de détecter des paires qui n'auraient pas été détectées par la recherche de répétitions exactes.

Une troisième phase dans laquelle les motifs retenus sont triés en fonction de leur longueur et du nombre de leurs occurrences.



3.4. Algorithmique

3.4.1. Détection des répétitions exactes

Dans le cadre de la biologie, les algorithmes les plus couramment utilisés pour la détection de répétitions exactes sont basés sur l'arbre des suffixes. Des solutions ont été pour la construction de l'arbre des suffixes avec un temps d'exécution linéaire, cf Weiner [Weiner 1973] et Ukkonen [Ukkonen 1995].

Toutefois, cet objectif est difficile à réaliser en pratique, et n'est strictement exact que pour une taille d'alphabet constante, en raison de la taille mémoire nécessaire pour l'exécution de l'algorithme. Les implémentations courantes de cette méthode sont des compromis entre le temps d'exécution et l'espace mémoire nécessaire.

Nous avons donc implémenté dans un premier temps une méthode de force brutale, dont le temps d'exécution est en n^2 . Nous avons implémenté dans un deuxième temps une méthode dont le temps d'exécution moyen est en $n \log n$.

3.4.2. Détection des motifs similaires

Dans le cas de la détection des motifs similaires, nous développons une méthode basée sur la programmation dynamique.

3.4.3. Application à la détection de structures similaires

Dans le cadre du projet Wedel, nous développons aussi un processus de « réduction » de la partition. Cette réduction comprend tout d'abord une réduction au sens harmonique du terme, qui comprend elle-même plusieurs phases.

La première phase est composée d'une quantification de chaque mesure par unité rythmique minimale, et d'une agrégation verticale de toutes les voix dans chaque unité rythmique. Ces agrégats verticaux ainsi obtenus sont ensuite agrégés entre eux, d'abord par temps, puis par mesure, par application d'un corpus de règles issues de la théorie de l'harmonie, qui permettent de décider si deux agrégats peuvent être de nouveau agrégés ou non. Dans ce processus, certaines notes sont éliminées en fonction de règles mélodiques et harmoniques, qui permet d'éliminer les « notes étrangères ».

La dernière phase est une détection de la basse : est considérée comme « basse » la note la plus basse d'un accord qui n'appartient pas à l'accord précédent.

L'ensemble de ces procédures génère un descripteur qui peut être considéré comme composé d'une basse et d'un chiffrage, auquel les procédures de détection de répétition décrites ci-dessus peuvent être appliquées.

De même, un processus de reconnaissance de tonalité est développé, fondé sur un corpus de règles mélodiques et harmoniques. Ce processus génère un descripteur de tonalités, sur lequel les procédures de détection de répétition peuvent être appliquées.

De plus, un descripteur dérivé du descripteur « harmonie » peut être généré, dans lequel la basse peut être exprimée sous forme de degrés (par rapport à la tonique), et un processus de détection de structures similaires peut être implémenté.



4. Architecture de la base de données

Afin de favoriser l'échange de données, et l'extensibilité, l'architecture de la base de données est entièrement calquée sur un formalisme XML, c'est à dire que pour chaque partition, une notice XML descriptive peut être extraite de la base. De même, une notice XML peut être utilisée pour alimenter la base de données.

Cette équivalence est fondée sur trois tables :

- une table des conteneurs,
- une table des attributs,
- une table des contenus.

La table de conteneurs présentée à la figure 5 reproduit la structure de l'arborescence XML (à chaque conteneur correspond un tag XML).

Chaque conteneur possède:

- un type,
- un identifiant unique (`container_id`) dans la base de données,
- un conteneur parent (sauf pour les conteneurs "racine").

TABLE DES CONTENEURS : <code>tbl_containers</code>		
<code>type</code> (chaîne de caractères)	<code>parent_id</code> (entier)	<code>container_id</code> (entier)
les types peuvent être: ROOT (conteneur "racine") thematicelement descriptor tonality KeySignature TimeSignature nomenclature Instrument [...]	identifiant du conteneur parent (les conteneurs de type ROOT n'ont pas de <code>parent_id</code>)	identifiant unique du conteneur dans la base de données

Figure 5. Table des conteneurs.

Remarque : le conteneur racine possède des attributs permettant d'identifier l'objet correspondant et de relier ainsi le contenu aux méta-données fournies par l'éditeur (elles-mêmes inscrites dans la base de données), et au contenu multimédia de la base.

La table des attributs (figure 6) regroupe les paires clé/valeur pour chaque tag XML. Chaque paire clé/valeur est reliée au conteneur par son identifiant unique (`container_id`).

TABLE DES ATTRIBUTS : <code>tbl_attributs</code>		
<code>att_key</code> (chaîne de caractères)	<code>att-value</code> (chaîne de caractères)	<code>container_id</code> (entier)
contient les clés	contient les valeurs	identifiant unique du conteneur qui contient la paire clé/valeur. un conteneur peut avoir plusieurs paires clé/valeur

Figure 6. Table des attributs.

La table des contenus (figure 7) regroupe les différents contenus pour chaque tag XML. Chaque contenu est relié au conteneur par son identifiant unique (`container_id`).



TABLE DES CONTENUS : tbl_contenus	
content (chaîne de caractères)	container_id (entier)
contenus.	identifiant unique du conteneur correspondant. un seul contenu par conteneur.

Figure 7. Table des contenus.

Une procédure simple, basée sur une API en C++, permet d'extraire une notice XML à partir de la base de données, en spécifiant l'identifiant du conteneur racine.

De même, en sens inverse, une procédure permet de lire une notice XML et d'importer le contenu correspondant dans la base de données.

5 Conclusion

Dans cet article, nous avons justifié et décrit un modèle d'extraction de motif caractéristique fondé sur une approche musicologique, voire ethnomusicologique. Le modèle que nous avons décrit est actuellement en cours d'implémentation, et devrait entrer dans une phase expérimentale de validation durant l'année 2002.

Nous avons d'autre part bien conscience des limitations imposées par l'exercice : si la répétition semble bien être un critère assez universel, la notion de variante par contre est fortement liée à une culture, car il semble bien que ce soient des critères culturels qui nous permettent de reconnaître deux motifs comme étant apparentés l'un à l'autre.

Une évolution nécessaire du système devrait pouvoir permettre au musicologue de définir lui-même les règles d'élaboration de nouveaux descripteurs, lui permettant ainsi d'élaborer sur des exemples concrets des schémas d'interprétation, qu'il pourrait ensuite étendre à des corpus plus larges. De cette manière, il pourrait mettre en œuvre l'analyse à double sens, « top-down » et « bottom-up » telle que la souhaitent Pierre Boulez [Boulez 1989], et Alain Bonardi [Bonardi 2000].

Références

- [Bonardi 2000] BONARDI, A., Music IR for Contemporary Music : What the Musicologist Needs, Proceedings of the first International Symposium on Music Information Retrieval, Plymouth (USA), october 2000.
- [Boulez 1989] BOULEZ, P., *Jalons (pour une décennie) – Dix ans d'enseignement au Collège de France*, Paris, Christian Bourgois Editeur, 1989, 451 p.
- [Crochemore 1998] CROCHEMORE, M., ILIOPOULOS, C. S., YU, H., *Algorithms for Computing Evolutionary Chains in Molecular and Musical Sequence* in the Proceedings of the ninth Australian Workshop on Combinatorial Algorithms AWOCA'98, C.S. Iliopoulos, ed., School of Computing, Curtin University of Technology, Perth, Western Australia, 1998, p 172 - 184.



- [Cambouropoulos 1999] CAMBOUROPOULOS, E., CROCHEMORE, M., ILIOPOULOS, C.S., MOUCHARD, L. and PINZON, Y.J. (1999), *Algorithms for Computing Approximate Repetitions in Musical Sequences*, in the Proceedings of the AWOCA'99 Workshop Australasian Workshop on Combinatorial Algorithm 25-27 July 1999, Perth, Western Australia.
- [Gusfield 1997] GUSFIELD, D., *Algorithms on strings, trees, and sequences*, Cambridge, Cambridge University Press, 1997, 534 p.
- [Rolland 1998] ROLLAND, P.-Y., *Découverte automatique de régularités dans les séquences et application à l'analyse musicale*, Thèse de doctorat, UNIVERSITÉ PARIS 6, Juillet 1998, 335 p.
- [Rouget 1961] ROUGET, G., *Un chromatisme africain*, l'Homme, I. 3, 1961, p.41.
- [Ruwet 1966] RUWET, N., *Méthodes d'analyse en musicologie*, in *Revue belge de Musicologie*, 20 (1966), p 65-90.
- [Schoenberg 1947] SCHOENBERG, A., *Brahms the progressive*, in *Style and Idea*, Faber and Faber, 1975, p. 398-441.
- [Schoenberg 1950] SCHOENBERG, A., *Bach*, in *Style and Idea*, Faber and Faber, 1975, p. 393-397.
- [Ukkonen 1995] UKKONEN, E., *On-line construction of suffix trees*, *Algorithmica*, 14:249-60, 1995.
- [Weiner 1973] WEINER, P., *Linear pattern matching algorithms*, Proceedings of the 14th IEEE symposium on switching and automata theory, 1973.