



(12) 发明专利

(10) 授权公告号 CN 110169767 B

(45) 授权公告日 2021.09.21

(21) 申请号 201910611770.2

CN 106203324 A,2016.12.07

(22) 申请日 2019.07.08

CN 103345600 A,2013.10.09

(65) 同一申请的已公布的文献号

CN 1242693 A,2000.01.26

申请公布号 CN 110169767 A

CN 108926344 A,2018.12.04

(43) 申请公布日 2019.08.27

CN 108883279 A,2018.11.23

(73) 专利权人 河北大学

CN 103156599 A,2013.06.19

地址 071002 河北省保定市五四东路180号

CN 107390194 A,2017.11.24

河北大学

US 2016361021 A1,2016.12.15

US 2007276270 A1,2007.11.29

US 5715829 A,1998.02.10

(72) 发明人 刘秀玲 李鑫 刘明 熊鹏

杨立才.基于PLR-DTW的ECG身份识别方法.《生物医学工程学杂志》.2013,

杜海曼 杨建利 张杰烁

(74) 专利代理机构 石家庄国域专利商标事务所

Liu, Meizhu.Total Bregman Divergence and its Applications to Shape Retrieval.

有限公司 13112

《Total Bregman Divergence and its Applications to Shape Retrieval》.2010,

代理人 苏艳肃

(51) Int.Cl.

Ward, C.R..Dynamic time warp distances as feedback for EEG feature density.《2015 IEEE Signal Processing in Medicine and Biology Symposium (SPMB)》.2015,

A61B 5/318 (2021.01)

A61B 5/352 (2021.01)

A61B 5/366 (2021.01)

A61B 5/00 (2006.01)

(56) 对比文件

CN 106889984 A,2017.06.27

审查员 董卫

权利要求书2页 说明书4页 附图5页

(54) 发明名称

一种心电信号的检索方法

(57) 摘要

本发明涉及一种心电信号的检索方法,其方法包括以下步骤:a、对目标数据和待检索数据的特征进行计算;b、基于TBD改进DTW的心电信号相似性度量;c、通过计算检索的敏感度和正检率对检索结果进行评价;d、对心电数据的幅值特征进行检索;e、对心电数据的形态特征进行检索。本发明检索主要分为对心电数据的幅值特征检索和对心电数据的形态特征检索。经本发明方法的处理,充分利用两者各自的优势解决了心电信号相似度测量所面临的问题,实现了对心电信号的检索。

CN 110169767 B

1. 一种心电信号的检索方法,其特征是,包括以下步骤:

- a、对目标数据和待检索数据的特征进行计算;
- b、基于TBD改进DTW的心电信号相似性度量;
- c、通过计算检索的敏感度和正检率对检索结果进行评价;
- d、对心电数据的幅值特征进行检索;
- e、对心电数据的形态特征进行检索;

其中,步骤a的具体过程为:

a-1、确定长度为1的目标数据 $a = [a_1, a_2, \dots, a_1]$,其中, a 的幅值特征向量即为其本身;

a-2、根据目标数据 a 的长度1在心电信号 X 上截取待检索数据 b_1, b_2, \dots, b_m ,待检索数据

$$b_1 = [x_1, x_2, \dots, x_l]$$

$$b_2 = [x_{k+1}, x_{k+2}, \dots, x_{k+l}]$$

截取时选择步长为 k ,并计算待检索数据的表达式为: ,待检索数

...

$$b_m = [x_{(m-1)k+1}, x_2, \dots, x_{(m-1)k+l}]$$

据 b_1, b_2, \dots, b_m 的幅值特征向量即为其本身;

a-3、目标数据的形态特征向量表达式为 $a'(i) = \frac{a_{i+k} - a_i}{k}$, k 为正整数,待检索数据的形态

特征向量表达式为 $b'_i = \frac{b_i(j+k) - b_i(j)}{k}$, k 为正整数;

步骤b的具体过程为:

b-1、采用TBD对两个序列上的点进行距离的计算:选择目标数据 $Q = (q_1, q_2, \dots, q_m)$,计算待检索数据 $C = (c_1, c_2, \dots, c_n)$ 与 Q 各点之间的距离,TBD定义为

$$d_{TBD} = \frac{f(x) - f(y) - \langle x - y, \nabla f(y) \rangle}{\sqrt{1 + \|\nabla f(y)\|^2}}$$

,其中函数 f 表示对应的心电信号波形;然后将 Q 和 C 带入

$a'(i) = \frac{a_{i+k} - a_i}{k}$ 中,得到 $m \times n$ 的距离矩阵 D ;

b-2、在距离矩阵网络中找寻从 S 点到 E 点的最优路径,其中, S 点和 E 点分别为目标数据和待检索数据上对应的两点;距离矩阵 D 中每一点的累计距离 $r(i, j)$ 为其本身与到达此点的最短距离之和,表达式为:

$$r(i, j) = d_{TBD}(q_i, c_j) + \min(r(i-1, j-1), r(i-1, j), r(i, j-1));$$

b-3、采用TBD改进DTW的方法计算选择的待检索数据和目标数据之间的最短距离来表征两个数据之间的相似度,改进算法相似度定义式为

$$iDTW(Q, C) = \min \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n r(i, j)。$$

2. 根据权利要求1所述的心电信号的检索方法,其特征是,步骤c的具体过程为:计算检索的敏感度和正检率:

$$\text{敏感度计算公式为: } Se = \frac{TP}{TP + FN} ;$$

正检率计算公式为： $P^+ = \frac{TP}{TP+FP}$ ；

其中TP为真阳性样本个数，FN为假阴性样本个数，FP为假阳性样本个数。

3. 根据权利要求2所述的心电信号的检索方法，其特征是，步骤d中：对心电数据的幅值特征进行检索包括单心拍心电信号幅值特征的检索和任意长度心电信号幅值特征的检索。

4. 根据权利要求2所述的心电信号的检索方法，其特征是，步骤e中：对心电数据的形态特征进行检索包括单心拍心电信号形态特征的检索和任意长度心电信号形态特征的检索。

一种心电信号的检索方法

技术领域

[0001] 本发明涉及心电信号的自动检测与分析技术,具体地说是一种心电信号的检索方法。

背景技术

[0002] 目前医生诊断心血管疾病主要依据医生对于病人的心电图的判断。但心血管疾病的种类众多,个体差异性强,使得同一种疾病在不同病人心电图上的表现也不尽相同。因此对所有个体采用相同模板的做法并不合理,这也是自动诊断所面临的临床问题。现如今临床以及远程医疗中产生的海量心电图增加了医生的工作量,因此如何辅助医生实时且快速地找到感兴趣的心电数据成了亟待解决的问题。

[0003] 为了极大地节约医生时间,提高诊断效率,心电信号数据的检索是十分必要的。

发明内容

[0004] 本发明的目的就是提供一种心电信号的检索方法,以解决现有检索方法进行相似度测量时存在心电信号特征波的检索精度和手工设计特征泛化能力差以及特征维数大冗余信息多的问题。

[0005] 本发明是这样实现的:一种心电信号的检索方法,包括以下步骤:

[0006] a、对目标数据和待检索数据的特征进行计算;

[0007] b、基于TBD改进DTW的心电信号相似性度量;

[0008] c、通过计算检索的敏感度和正检率对检索结果进行评价;

[0009] d、对心电数据的幅值特征进行检索;

[0010] e、对心电数据的形态特征进行检索。

[0011] 步骤a的具体过程为:

[0012] a-1、确定长度为1的目标数据 $a = [a_1, a_2, \dots, a_1]$,其中,a的幅值特征向量即为其本身;

[0013] a-2、根据目标数据a的长度1在心电信号X上截取待检索数据 b_1, b_2, \dots, b_m ,待检索

数据截取时选择步长为k,并计算待检索数据的表达式为:

$$\begin{aligned} b_1 &= [x_1, x_2, \dots, x_l] \\ b_2 &= [x_{k+1}, x_{k+2}, \dots, x_{k+l}] \\ &\dots \\ b_m &= [x_{(m-1)k+1}, x_2, \dots, x_{(m-1)k+l}] \end{aligned} \quad , \text{待检}$$

索数据 b_1, b_2, \dots, b_m 的幅值特征向量即为其本身;

[0014] a-3、目标数据的形态特征向量表达式为 $a' = \frac{a_{i+k} - a_i}{k}$,其中k为正整数,待检索数

据的形态特征向量表达式为 $b'_i = \frac{b_i(j+k) - b_i(j)}{k}$,其中k为正整数。

[0015] 步骤b的具体过程为:

[0016] b-1、采用TBD对两个序列上的点进行距离的计算:选择目标数据 $Q = (q_1, q_2, \dots, q_m)$, 计算数据 $C = (c_1, c_2, \dots, c_n)$ 与 Q 各点之间的距离, TBD定义为

$$d_{TBD} = \frac{f(x) - f(y) - \langle x - y, \nabla f(y) \rangle}{\sqrt{1 + \|\nabla f(y)\|^2}}; \text{然后将} Q \text{和} C \text{带入 } a' = \frac{a_{i+k} - a_i}{k}, \text{其中} k \text{为正整数, 得}$$

到 $m \times n$ 的距离矩阵 D ;

[0017] b-2、在距离矩阵网络中找寻从 S 点到 E 点的最优路径, 距离矩阵 D 中每一点的累计距离 $r(i, j)$ 为其本身与到达此点的最短距离之和, 表达式为: $r(i, j) = d_{TBD}(q_i, c_j) + \min(r(i-1, j-1), r(i-1, j), r(i, j-1))$;

[0018] b-3、采用TBD改进DTW的方法计算选择的待检索数据和目标数据之间的最短距离来表征两个数据之间的相似度, 改进算法相似度定义式为 $tDTW(Q, C) = \min \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n r(i, j)$ 。

[0019] 步骤c的具体过程为:计算检索的敏感度和正检率:

[0020] 敏感度计算公式为: $Se = \frac{TP}{TP + FN}$;

[0021] 正检率计算公式为: $P^+ = \frac{TP}{TP + FP}$;

[0022] 其中 TP 为真阳性样本个数, FN 为假阴性样本个数, FP 为假阳性样本个数。

[0023] 步骤d中:对心电数据的幅值特征进行检索包括单心拍心电信号幅值特征的检索和任意长度心电信号幅值特征的检索。

[0024] 步骤e中:对心电数据的形态特征进行检索包括单心拍心电信号形态特征的检索和任意长度心电信号形态特征的检索。

[0025] 本发明公开了一种基于总布雷格曼散度改进动态时间规整的检索方法, 检索主要分为两种模式:A)对心电数据的幅值特征检索;B)对心电数据的形态特征检索。经本发明方法的处理, 充分利用两者各自的优势解决了心电信号相似度测量所面临的问题, 实现了对心电信号的检索。

附图说明

[0026] 图1单心拍幅值检索算法流程图。

[0027] 图2单心拍形态检索算法流程图。

[0028] 图3心拍截取示意图。

[0029] 图4任意长度心电信号幅值检索算法流程图。

[0030] 图5任意长度心电信号形态检索算法流程图。

具体实施方式

[0031] 以下结合附图对本发明作进一步详细描述, 本领域技术人员可由本说明书所揭露的内容实现本发明。

[0032] 本实施例在Intel Xeon CPU E5-2697@2.70GHz, 内存为128.00GB, Win7, 64位操作

系统的计算机中实现,整个心电信号自动分类算法采用Matlab语言实现。

[0033] 结合上图1、2、3,本发明的实施过程如下:

[0034] A) 获取人体的心电信号,并进行滤波处理,检测滤波后的心电信号的R波:

[0035] ①信号采集:以1000Hz的采集频率采集人体心电原始信号,并存储为TXT文档的数据形式,然后用Matlab软件将所述TXT文档存储的心电原始信号数据读取到电脑中;

[0036] ②对所述心电原始信号数据进行处理:

[0037] 通过小波分解在尺度4上找到QRS波群,在QRS波群确定的前提下,再进行R波峰值点的检测。采用能量窗的变换再次突出QRS波群,设置窗口的大小来获取不同的信号能量曲线,在取得的能量曲线中寻找到的能量的峰值点,对此时得到的R波峰值预测点进行筛查,将不满足条件的去除,从而得到R波峰值点的准确位置。

[0038] 能量窗变换公式:
$$E_n = \sum_{n-\frac{N}{2}+1}^{n+\frac{N}{2}} S^2, n = \frac{N}{2}, \dots, M - \frac{N}{2};$$

[0039] 保留R波峰值点的满足条件公式: $0.4 * RR_{\text{mean}} < RR < 1.6 * RR_{\text{mean}}$ 。

[0040] B) 相似度测量:

[0041] 采用TBD改进DTW的方法计算选择的待检索数据和目标数据之间的最短距离来表征两个数据之间的相似度,通过阈值 δ 的设定标记出与目标数据相似的心拍数据。

[0042] C) 单心拍心电信号特征的检索:

[0043] ①截取心拍:

[0044] 在R波位置前取90个采样点,后取165个采样点来进行心拍数据的截取,选择目标心拍作为匹配模板。

[0045] 选择目标心拍作为匹配模板,再选择合适的检索特征,计算余下的心拍数据与目标数据的特征向量相似度。

[0046] 目标数据a和待检索数据 b_1, b_2, \dots, b_m 幅值特征向量即为其本身;目标数据和待检索数据的形态特征向量是利用心电信号在各点处的一阶导数值代表此点的变化趋势,构成数据的形态特征向量。

[0047] 目标数据和待检索数据的形态特征向量计算表达式:

[0048]
$$a'(i) = \frac{a_{i+k} - a_i}{k}, k \text{ 为正整数}$$

$$b'_i = \frac{b_i(j+k) - b_i(j)}{k}, k \text{ 为正整数}。$$

[0049] ②实验数据选用MIT-BIH心律失常数据库中的100号、102号、105号、106号、107号、109号、116号、119号、124号、209号、212号、214号、215号、220号、221号、232号和234号17组数据。

[0050] 分别采取欧氏距离、TBD、传统DTW和本文提出算法进行幅值和形态的检索,得到的检索正检率和敏感度。

[0051] 结合图4、5,本发明的实施过程如下:

[0052] A) 预处理:

[0053] B) 选择合适的检索特征,进行目标心拍数据和待检索心拍数据的相似性计算。

[0054] ①任意长度心电信号检索不用进行心拍的截取,其长度可任意选择,在数据获取时根据目标数据的长度来进行待检索数据的划分,经过测验选择步长为20个采样点进行检索。

[0055] ②再根据目标数据a的长度 l 来截取输入进来的心电信号数据从而得到待检索数据 b_1, b_2, \dots, b_m ,通过计算待检索数据和目标数据的相似度对目标数据进行检索。仍然对心电信号幅值特征和形态特征这两种波形特征进行检索,实验的整体流程与单心拍检索类似。

[0056] 心电信号检索算法能够很好地检索出目标数据,在加入噪声后仍具有相比一般算法更强的稳定性,所提出的方法适用于心电信号的检索。

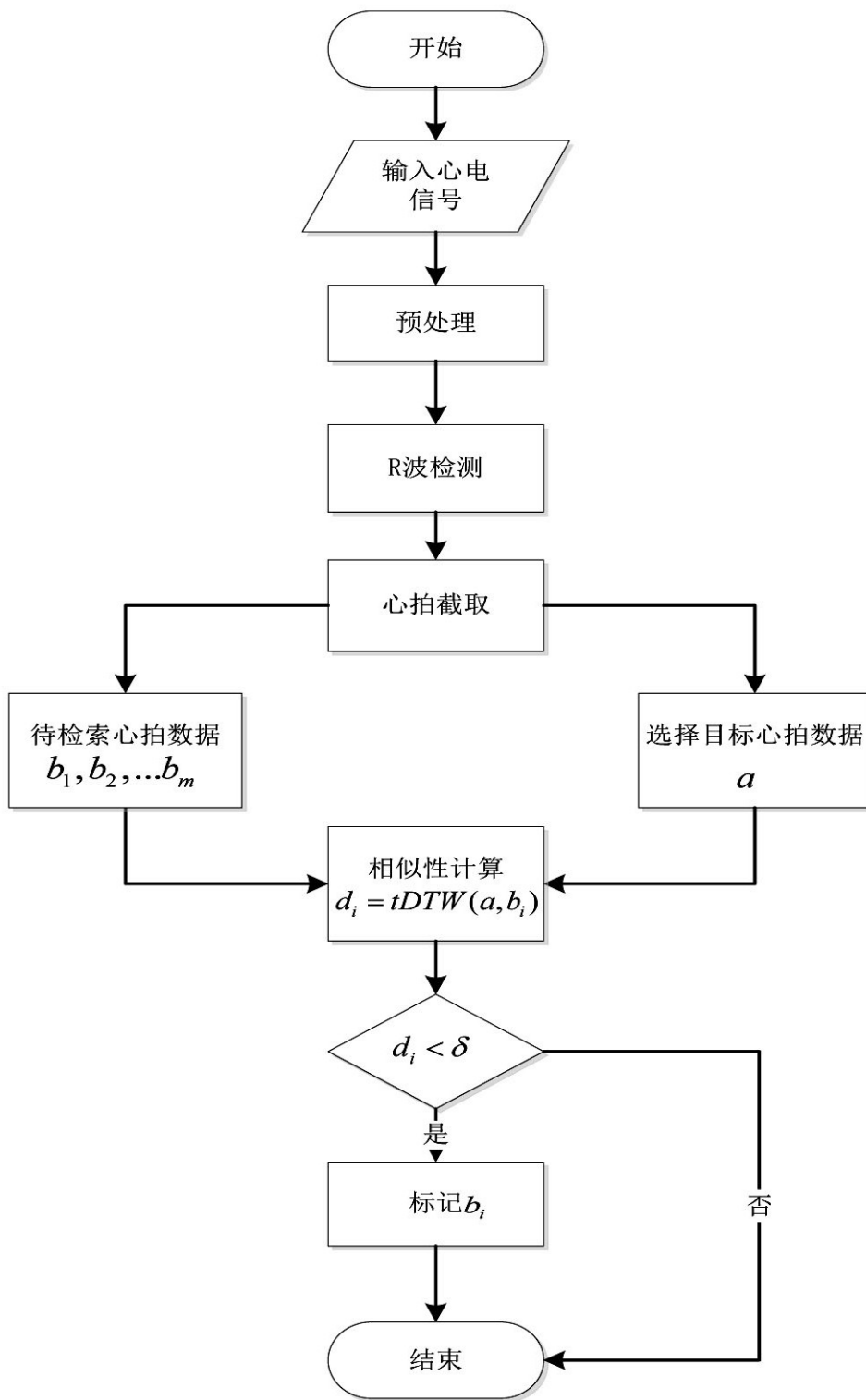


图1

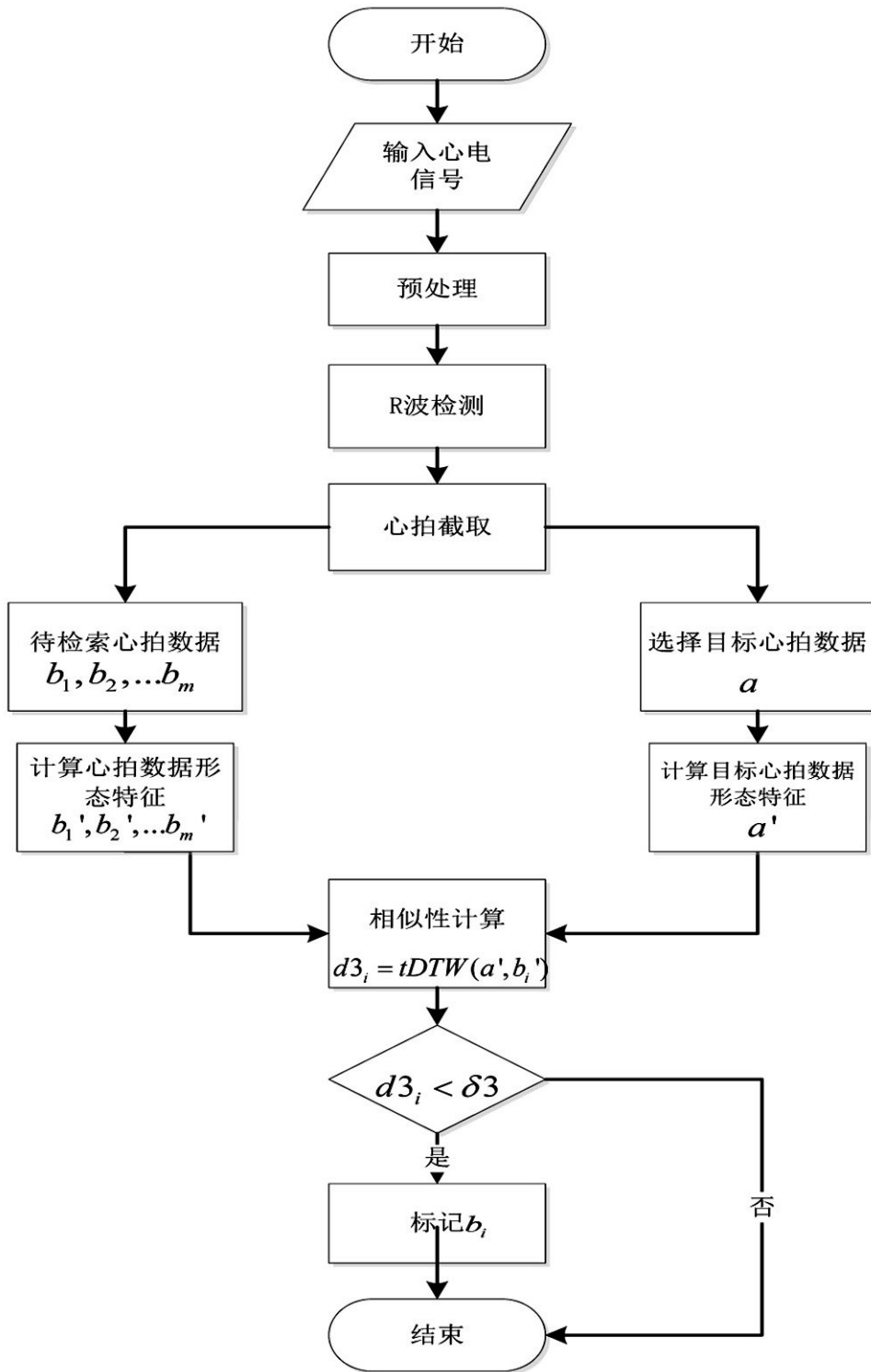


图2

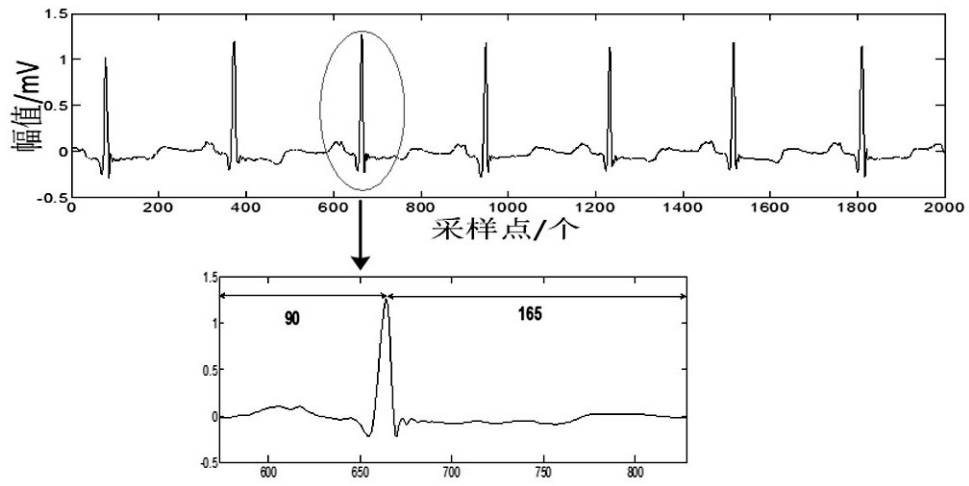


图3

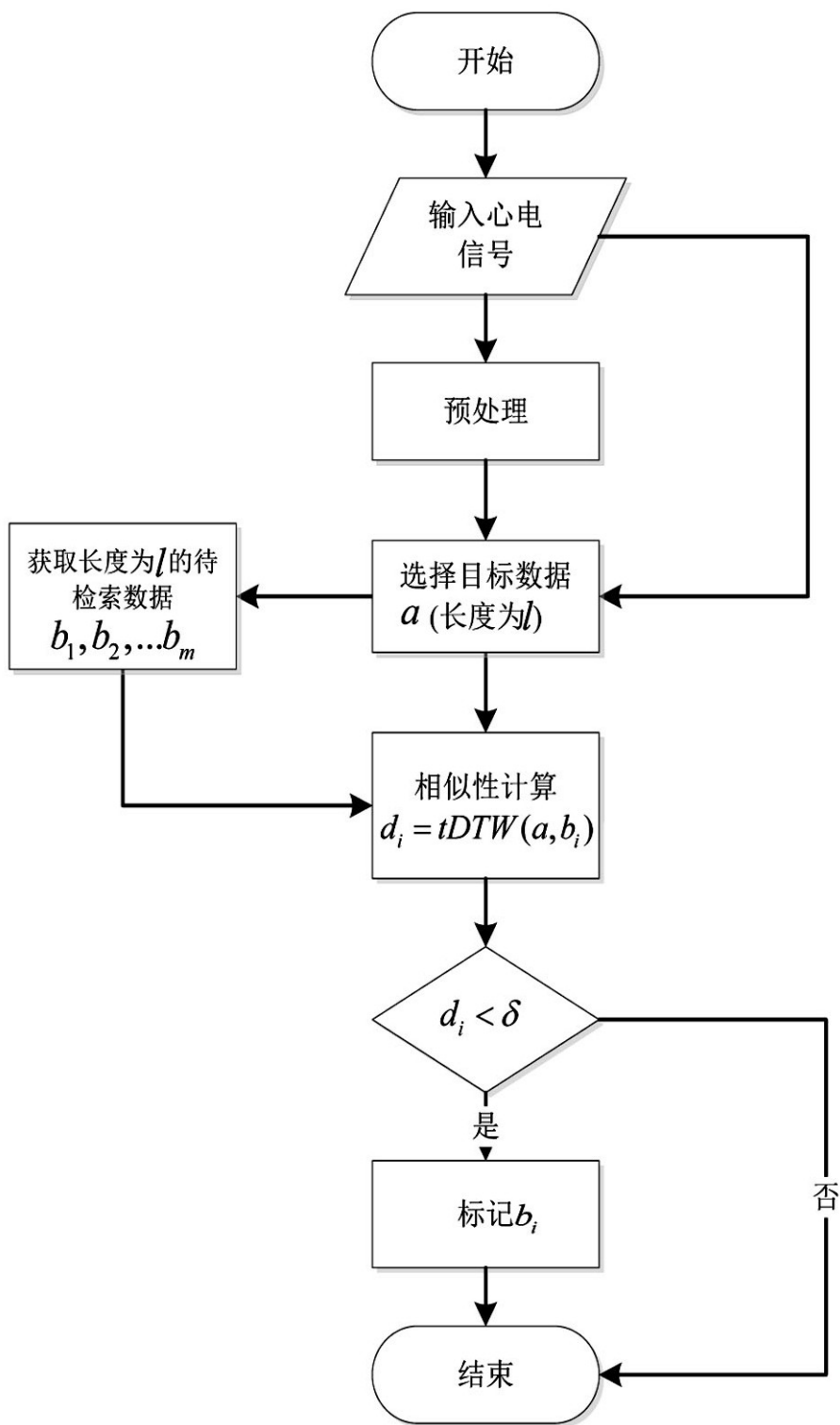


图4

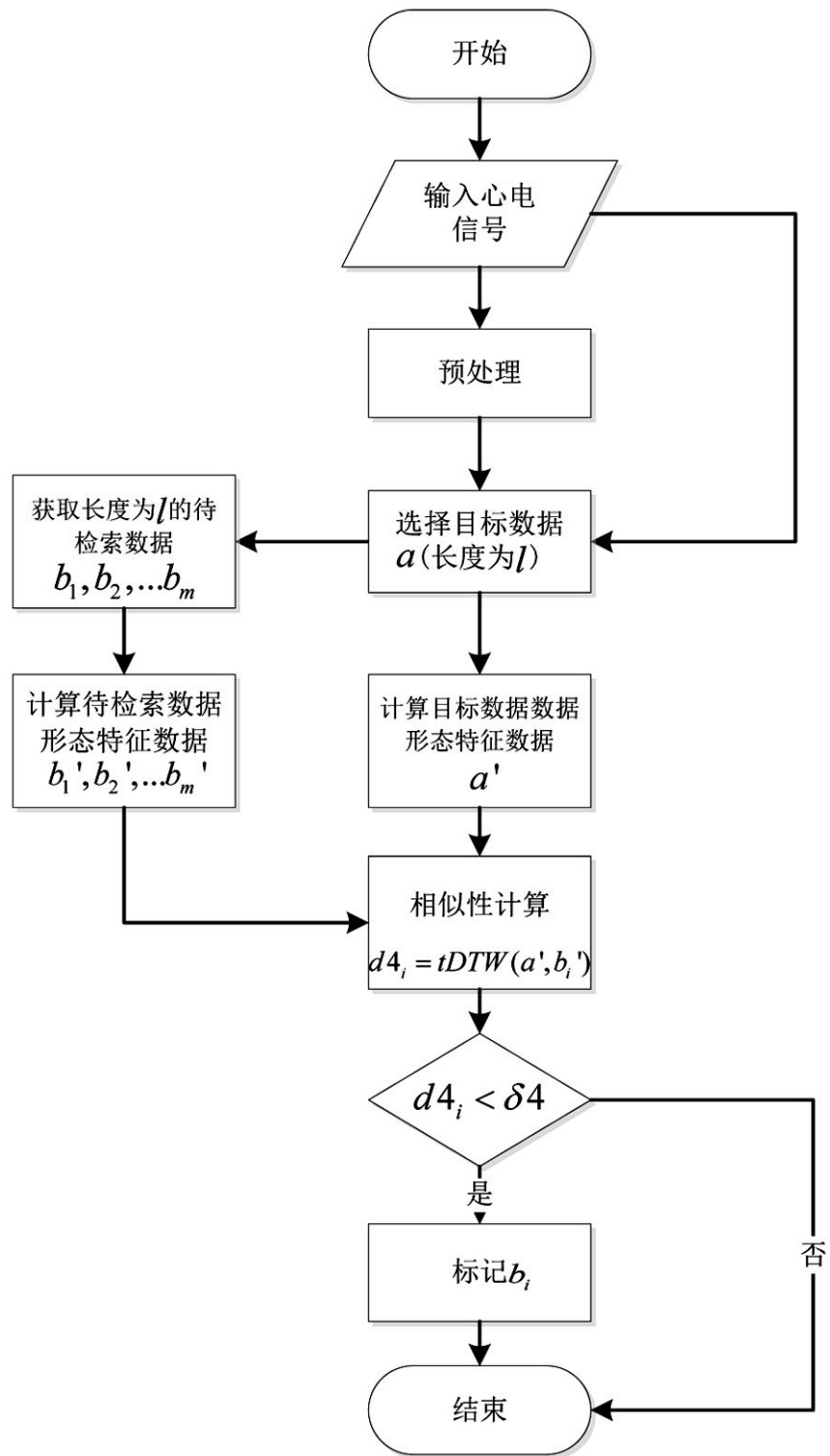


图5