



## (12)发明专利申请

(10)申请公布号 CN 108309238 A

(43)申请公布日 2018.07.24

(21)申请号 201810088734.8

(22)申请日 2018.01.30

(71)申请人 陕西师范大学

地址 710062 陕西省西安市雁塔区长延堡  
办长安南路199号

(72)发明人 张小凤 康欢 宋晔 张光斌

(74)专利代理机构 西安佩腾特知识产权代理事  
务所(普通合伙) 61226

代理人 曹宇飞

(51)Int.Cl.

A61B 5/00(2006.01)

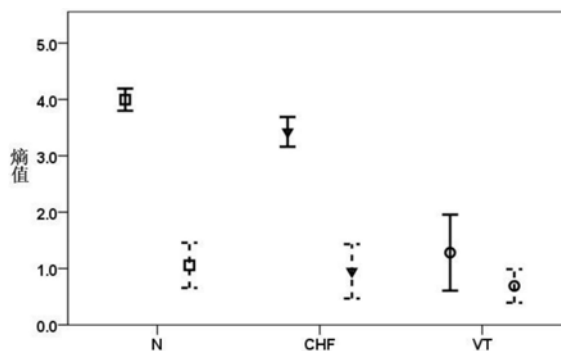
权利要求书1页 说明书6页 附图3页

### (54)发明名称

一种基于相位排列熵的心电信号异常识别方法

### (57)摘要

本发明涉及一种基于相位排列熵的心电信号异常识别方法,其利用希尔伯特变换和Shannon信息熵计算出标准心电信号的相位排列熵,利用SPSS软件统计构建各类标准心电信号的相位排列熵值类别范围,将待检心电信号与标准心电信号的相位排列熵值类别范围进行比较,确定出待检心电信号所属类别;本发明从数据源头入手,引入包含更多序列特征的相位信息,实现对信号细微变化的显著检测,此外只需较短的序列长度就能估计出较稳定的系统特征值,能够实现对心电异常信号的精准检测和实时反馈,便于及时做出预防治疗措施。



1. 一种基于相位排列熵的心电信号异常识别方法,其特征在于包括以下步骤:

(1) 从MIT-BIH心电数据库选取所需的各类别的心电信号,作为标准心电信号;

(2) 利用希尔伯特变换,求取各个标准心电信号的瞬时相位序列 $\theta(i)$ ,之后进行相空间重构并对重构的序列按数值升序排列,并计算相同的位置序列个数,并将其出现的频率作为概率,利用Shannon信息熵的定义计算出各个标准心电信号对应的相位排列熵;

(3) 利用SPSS软件统计计算得到的各类别的标准心电信号的相位排列熵均值标准差,构建各类标准心电信号的相位排列熵值类别范围;

(4) 在待检心电信号中截取所需长度,利用步骤(2)的方法计算出所截取的待检心电信号的相位排列熵,并将其与步骤(3)的标准心电信号的相位排列熵值类别范围进行比较,确定出待检心电信号所属类别。

2. 根据权利要求1所述的基于相位排列熵的心电信号异常识别方法,其特征在于,步骤(1)所述的心电信号的类别分为正常心电信号、异常心电信号或者分为正常窦性信号、充血性心力衰竭信号和室性心动过速信号。

3. 根据权利要求1所述的基于相位排列熵的心电信号异常识别方法,其特征在于,步骤(2)具体由以下步骤组成:

(2.1) 利用希尔伯特变换法求取各标准心电信号的瞬时相位序列 $\theta(i)$ ,序列长度为N;

(2.2) 对步骤(2.1)求得的瞬时相位序列 $\theta(i)$ 进行相空间重构,得到重构序列 $Z_j$ ,重构序列个数为 $N-(m-1)*t$ ;

$$Z_j = [\theta(j), \theta(j+t), \dots, \theta(j+(m-1)t)], 1 \leq j \leq N-(m-1)t$$

其中m为相空间重构维数,t为重构的时间延迟;

(2.3) 将重构序列 $Z_j$ 按数值升序排列,得到位置序列 $S_j$ ,并确定位置序列相同的序列个数,记为 $Num_v$ ,则:

$$S_j = (k_1, k_2, \dots, k_m), 1 \leq j \leq N-(m-1)t;$$

(2.4) 将步骤(2.3)所的各种排列出现的频率作为其概率,则得到各种排列的概率为

$$P_v = \frac{Num_v}{N-(m-1)*t};$$

(2.5) 由Shannon信息熵的定义计算出各个标准心电信号的相位排列熵,即 $H(m) = -\sum P_v \cdot \log P_v$ 。

4. 根据权利要求1基于相位排列熵的心电信号异常识别方法,其特征在于,所述步骤(3)中标准心电信号的相位排列熵值类别范围的表达形式为:相位排列熵均值 $\pm$ 标准差。

## 一种基于相位排列熵的心电信号异常识别方法

### 技术领域

[0001] 本发明属于心电信号检测技术领域,特别涉及一种基于相位排列熵的心电信号异常的识别方法。

### 背景技术

[0002] 心脏是人体中最重要的器官,它的作用是推动血液流动,向器官、组织提供充足的血流量,以供应氧和各种营养物质,并带走代谢的终产物(如二氧化碳、无机盐、尿素和尿酸等),使细胞维持正常的代谢和功能,同时它是一个受多种因素调节控制和远离平衡态的非线性动力学系统。心脏组织结构和控制结构的复杂性是心脏电信号的动力学复杂性的基础。心脏电信号的活动按一定节律控制着心脏跳动,心脏电信号活动中的任何异常都将影响心脏的泵血功能,严重情况下,会威胁人的生命。当心脏本身发生病变时,心脏内部组织结构的自谐控制受到破坏,造成心脏系统活动的动力学复杂性降低,表现为心脏生理信号的动力学复杂性下降。心脏生理信号反映心脏兴奋产生、传导和恢复过程中的电位变化。因此,研究心脏电信号变化尤为重要。而非线性分析方法更有助于揭示心脏动力系统的本质。

[0003] 现有的心率信号异常检测识别方法更多的是基于对采集的心率数据进行学习,训练出某个用户专有的心率状况评价函数,依靠评价函数对新产生的心电数据做预测分析。针对人体的心律信号属于复杂多变量、强耦合、动态实时变化的伪随机事件这个现实情况,这种方法并不能准确的反映信号细微变化的实时特征。2016年,王金海等人提出了基于经验模态分解和近似熵相结合的心电信号特征提取新方法。这种方法主要是对以R波为中心的300个采集点进行经验模态分解,再计算前六个分量的近似熵值,将计算得到的六个近似熵值作为分类的特征向量。这种方法是在已知心电信号R波的情况下进行分类,对于无法辨认R波的心电信号,这种方法无法识别分类。

[0004] 为了对失常心律进行更有效的监测识别分类并且保留心电信号带有的序列信息和微小的变化特征,本发明提出利用相位排列熵作为反映信号突变的指标参数,来识别人体心电信息。

### 发明内容

[0005] 鉴于心电信号所具有的非线性特征以及现有的心电信号检测方法对心电信号细微变化检测不敏感和对关键特征反映不显著等现实问题,本发明利用相位排列熵作为检测心电信号异常的指标参数,提出了一种基于相位排列熵的心电信号异常的识别方法,利用该方法能够及时准确地识别出异常的心电信号。

[0006] 本发明所采用的技术方案是:

[0007] 基于相位排列熵的心电信号异常识别方法,其包括以下步骤:

[0008] (1) 从MIT-BIH心电数据库选取所需的各类别的心电信号,作为标准心电信号;

[0009] (2) 利用希尔伯特变换,求取各个标准心电信号的瞬时相位序列 $\theta(i)$ ,之后进行相空间重构并对重构的序列按数值升序排列,计算相同的位置序列个数,并将其出现的频率

作为概率,利用Shannon信息熵的定义计算出各个标准心电信号对应的相位排列熵;

[0010] (3) 利用SPSS软件统计计算得到的各类别的标准心电信号的相位排列熵均值和标准差,构建各类标准心电信号的相位排列熵值类别范围;

[0011] (4) 在待检心电信号中截取所需长度,利用步骤(2)的方法计算出所截取的待检心电信号的相位排列熵,并将其与步骤(3)的标准心电信号的相位排列熵值类别范围进行比较,确定出待检心电信号所属类别。

[0012] 进一步限定,步骤(1)所述的心电信号的类别分为正常心电信号、异常心电信号或者分为正常窦性信号、充血性心力衰竭信号和室性心动过速信号。

[0013] 进一步限定,步骤(2)具体由以下步骤组成:

[0014] (2.1) 利用希尔伯特变换法求取各标准心电信号的瞬时相位序列 $\theta(i)$ ,序列长度为 $N$ ;

[0015] (2.2) 对步骤(2.1)求得的瞬时相位序列 $\theta(i)$ 进行相空间重构,得到重构序列 $Z_j$ ,重构序列个数为 $N-(m-1)*t$ ;

[0016]  $Z_j = [\theta(j), \theta(j+t), \dots, \theta(j+(m-1)t)], 1 \leq j \leq N-(m-1)t$

[0017] 其中 $m$ 为相空间重构维数, $t$ 为重构的时间延迟;

[0018] (2.3) 将重构序列 $Z_j$ 按数值升序排列,得到位置序列 $S_j$ ,并确定位置序列相同的序列个数,记为 $Num_v$ ,则:

[0019]  $S_j = (k_1, k_2, \dots, k_m), 1 \leq j \leq N-(m-1)t$ ;

[0020] (2.4) 将步骤(2.3)所的各种排列出现的频率作为其概率,则得到各种排列的概率为 $P_v = \frac{Num_v}{N-(m-1)*t}$ ;

[0021] (2.5) 由Shannon信息熵的定义计算出各个标准心电信号的相位排列熵,即 $H(m) = -\sum P_v \cdot \log P_v$ 。

[0022] 进一步限定,所述步骤(3)中标准心电信号的相位排列熵值类别范围的表达形式为:相位排列熵均值 $\pm$ 标准差。

[0023] 本发明的基于相位排列熵的心电信号异常识别方法,保留了排列熵算法计算简单快速,能检测出信号剧烈变化的特点,从数据源头入手,引入包含更多序列特征的相位信息,实现对信号细微变化的显著检测,同时相位排列熵在异常信号处熵值保持稳定,即在信号细微变化检测方面,相位排列熵比排列熵更加显著敏感,此外相位排列熵对异常信号数据长度要求低,只需较短的序列长度就能估计出较稳定的系统特征值,在信号分类方面更具优势,本发明的方法能够实现对心电异常信号的精准检测和实时反馈,便于及时做出预防治疗措施。

## 附图说明

[0024] 图1为为心室纤颤信号的心电数据图;

[0025] 图2为图1所示心室纤颤信号的排列熵与相位排列熵熵值对比图;

[0026] 图3为不同数据长度 $N$ 下相位排列熵(PPE),相位传递熵(PTE)熵值对比图;

[0027] 图4为不同嵌入维数 $m$ 下相位排列熵比较图;

[0028] 图5为正常窦性信号(N)、充血性心力衰竭信号(CHF)、室性心动过速信号(VT)的相

位排列熵 (PPE) 和相位传递熵 (PTE) 比较图。

### 具体实施方式

[0029] 下面结合实例对本发明的技术方案进行进一步说明,但是不仅限于下述的实施方式。

[0030] 基于相位排列熵的心电信号异常识别方法可由以下步骤实现:

[0031] (1) 从MIT-BIH心电数据库选取正常窦性信号 (N)、充血性心力衰竭 (CHF)、室性心动过速 (VT) 三种心电信号各30组,作为标准心电信号;

[0032] 表1为标准心电信号数据表

[0033]

分类	编号	标准量 (组)
正常窦性信号 (N)	16795, 17052	30
充血性心力衰竭 (CHF)	chf01,chf05,chf14	30
室性心动过速(VT)	614,605,422	30
总计		90

[0034] (2) 利用希尔伯特变换,求取各个标准心电信号的瞬时相位序列 $\theta(i)$ ,之后进行相空间重构并对重构的序列按数值升序排列,并计算相同的位置序列个数,并将其出现的频率作为概率,利用Shannon信息熵的定义计算出各个标准心电信号对应的相位排列熵;具体为:

[0035] (2.1) 利用希尔伯特变换法求取各标准心电信号的瞬时相位序列 $\theta(i)$ ,序列长度为N;

[0036] (2.2) 对步骤(2.1)求得的瞬时相位序列 $\theta(i)$ 进行相空间重构,得到重构序列 $Z_j$ ,重构序列个数为 $N-(m-1)*t$ ;

[0037]  $Z_j = [\theta(j), \theta(j+t), \dots, \theta(j+(m-1)t)], 1 \leq j \leq N-(m-1)t$

[0038] 其中m为相空间重构维数,t为重构的时间延迟;

[0039] (2.3) 将重构序列 $Z_j$ 按数值升序排列,得到位置序列 $S_j$ ,并确定位置序列相同的序列个数,记为 $Num_v$ ,则:

[0040]  $S_j = (k_1, k_2, \dots, k_m), 1 \leq j \leq N-(m-1)t$ ;

[0041] (2.4) 将步骤(2.3)所的各种排列出现的频率作为其概率,则得到各种排列的概率为 $P_v = \frac{Num_v}{N-(m-1)*t}$ ;

[0042] (2.5) 由Shannon信息熵的定义计算出各个标准心电信号的相位排列熵,即 $H(m) = -\sum P_v \cdot \log P_v$ 。

[0043] (3) 利用SPSS软件统计计算得到的各类别的标准心电信号的相位排列熵均值和标准差,构建各类标准心电信号的相位排列熵值类别范围;

[0044] 表2标准心电信号的相位排列熵值类别范围

[0045]

N=2500,m=5,t=1	相位排列熵均值±标准差
正常窦性信号(N)	3.9957±0.09856
充血性心力衰竭(CHF)	3.4247±0.13161
室性心动过速(VT)	1.2815±0.337

[0046] (4) 在待检心电信号中截取所需长度,利用步骤(2)的方法计算出所截取的待检心电信号的相位排列熵,并将其与步骤(3)的标准心电信号的相位排列熵值类别范围进行比较,确定出待检心电信号所属类别。

[0047] 从MIT-BIH心电信号数据库选取正常窦性信号(N),充血性心力衰竭信号(CHF),室性心动过速信号(VT)各100组,数据长度为2500,作为待测信号,计算待测信号各自的相位排列熵值。将计算所得待测信号各自的相位排列熵值与步骤(3)的标准心电信号的相位排列熵值类别范围进行比较,结果发现100组正常窦性信号中有9组误识别为充血性心力衰竭信号;100组充血性心力衰竭信号有11组误识别为正常窦性信号;100组待测室性心动过速信号熵值有6组未在表2所示标准室性心动过速范围内,但是也未在正常窦性信号或充血性心力衰竭信号熵值范围内。

[0048] 经与MIT-BIH心电信号数据库的原始记载相比,各类信号的识别率如下表3:

[0049] 表3:待测信号性质识别分析

[0050]

信号类型	待测组数	识别率
正常窦性信号(N)	100	91%
充血性心力衰竭(CHF)	100	89%
室性心动过速(VT)	100	94%

[0051] 由表3表明,相位排列熵可以明显区分正常窦性信号和室性心动过速信号,对室性心动过速信号检测识别十分明显。相位排列熵方法可以作为监测心电信号是否异常,便于提早发现病症并采取相应措施。

[0052] 为了确定该发明对信号中细微变化的敏感性和对心电异常信号检测识别分类的有效性,通过下述实验进行分析,具体如下:

[0053] 实验中,心电信号分别取自正常窦性心电数据库(MIT-BIH Normal Sinus Rhythm Database),充血性心力衰竭数据库(BIDMC Congestive Heart Failure)与恶性室性心律失常数据库(MIT-BIH Malignant VentricularArrhythmia Database):

[0054] (1) 检测显著性分析(w=100,m=5,t=1)

[0055] 通过心电数据图谱分析,如图1和2所示。图1中数据点0-1100,心电信号起伏正常;数据点1100左右,心电信号出现异常;数据点1100-2500为心室纤颤病发阶段排。图2中,虚线表示排列熵的熵值变化,实线表示相位排列熵的熵值变化;数据点0-1100,排列熵列熵基本保持恒值,此时,排列熵并不能明显检测出心电信号的起伏状态变化,说明排列熵对信号的状态变化不敏感。相反,在此数据段,相位排列熵跟随信号起伏而起伏,能够明显反映心电信号变化规律;数据点1100左右,异常信号出现,,排列熵会有相应熵值变化。相比于排列熵,在此处相位排列熵的熵值变化更显著;数据点1100-2500,排列熵熵值变动较大,容易产生分析误差;相反,在此阶段,相位排列熵值一直持续保持相对恒定值。

[0056] 综上分析,相位排列熵对于信号异常的检测比排列熵更加显著,在异常过程中熵值保持比排列熵更为稳定。

[0057] (2) 数据长度对分类的影响分析 ( $m=5, t=1$ )

[0058] 这是要验证首先相位排列熵在不同数据长度下,能很清楚的对不同病症心电信号分类;其次,相位排列熵对数据长度不敏感。

[0059] 从表1中依次选取编号为17052, chf01, 614的信号,计算不同序列长度下的相位传递熵(PTE),相位排列熵值(PPE)。取数据长度分别为1000, 2000, ..., 8000, 计算结果如图3, 其中:PPE-N表示正常窦性信号的相位排列熵, PPE-CHF表示充血性心力衰竭信号的相位排列熵, PPE-VT表示室性心动过速信号的相位排列熵; PTE-N表示正常窦性信号的相位传递熵, PTE-CHF表示充血性心力衰竭信号的相位传递熵, PTE-VT表示室性心动过速信号的相位传递熵。

[0060] 结果表明,在不同数据长度下,正常窦性信号,充血性心力衰竭信号,室性心动过速信号的相位传递熵值易于混淆,较难以区分。而利用相位排列熵计算上述三者信号,彼此间熵值相差很大。即以相位排列熵为分类指标参数能很明显的区分不同的病症信号。同时,改变数据长度,相位排列熵基本保持不变。即对于相位排列熵而言,数据长度对信号分类无影响。

[0061] (3) 嵌入维数 $m$ 对分类的影响分析 ( $N=2500, t=1$ )

[0062] 如图4,  $N$ 表示正常窦性信号相位排列熵值随重构维数的变化, CHF表示充血性心力衰竭信号相位排列熵值随重构维数的变化结果, VT表示室性心动过速信号相位排列熵值随重构维数的变化。结果表明,  $m=3, 4$ 时, 正常窦性信号与充血性心力衰竭信号相位排列熵值十分接近, 不易进行分类。 $m=5, 6$ 时, 相位排列熵值差别明显, 但是,  $m$ 值越大计算运行时间越长。故本发明其余处均取 $m=5$ 。

[0063] (4) 确定标准心电信号的分类范围

[0064] 按上述表1标准心电信号组量,在每类信号中随机选取数据长度为2500的心电数据,利用SPSS软件统计计算每类信号的均值标准差,并将本发明的相位排列熵和相位传递熵的方法进行对比,具体相位传递熵的方法为:

[0065] 步骤S1:对于序列  $\{x(i), i=1, 2, \dots, N\}$ , 利用公式  $H[x(i)] = \frac{1}{\pi} \int_{-\infty}^{+\infty} \frac{x(\tau)}{i - \tau} d\tau$  进行希尔伯特(Hilbert)变化,得到 $x(i)$ 的解析信号 $z(i) = x(i) + jH[x(i)] = a(i) e^{j\theta(i)}$ , 则瞬时相位序列为:  $\theta(i) = \arctan \frac{H[x(i)]}{x(i)}, i=1, 2, \dots, N$

[0066] 步骤S2:对于给定的时间滞后 $\delta$ ,从信号 $x$ 到信号 $y$ 的相位传递熵定义为:

[0067]  $PTE_{x \rightarrow y} = H(\theta_y(t), \theta_y(t')) + H(\theta_y(t'), \theta_x(t')) - H(\theta_y(t')) - H(\theta_y(t), \theta_y(t'), \theta_x(t'))$

[0068] 其中:

[0069]  $H(\theta_y(t), \theta_y(t')) = -\sum p(\theta_y(t), \theta_y(t')) \log(\theta_y(t), \theta_y(t'))$

[0070]  $H(\theta_y(t'), \theta_x(t')) = -\sum p(\theta_y(t'), \theta_x(t')) \log p(\theta_y(t'), \theta_x(t'))$

[0071]  $H(\theta_y(t')) = -\sum p(\theta_y(t')) \log(\theta_y(t'))$

[0072]  $H(\theta_y(t), \theta_y(t'), \theta_x(t')) = -\sum p(\theta_y(t), \theta_y(t'), \theta_x(t')) \log(\theta_y(t), \theta_y(t'), \theta_x(t'))$

(t'))

[0073] 上式中： $\theta_x(t')$ ,  $\theta_y(t')$  分别是在时间点  $t' = t - \delta$  时信号  $x$  与信号  $y$  的相位： $\theta_x(t') = \theta_x(t - \delta)$ ,  $\theta_y(t') = \theta_y(t - \delta)$ , 本发明中设定  $\delta = 1$ 。

[0074] 计算上述公式中的概率, 使用相位空间分箱法分别计算时间序列  $\theta_y(t')$ ,  $(\theta_y(t), \theta_y(t'))$ ,  $(\theta_y(t'), \theta_x(t'))$ ,  $(\theta_y(t), \theta_y(t'), \theta_x(t'))$  的概率分布, 然后根据 scott 参数设置, 即  $h_i = 3.5\sigma_i/N^{1/3}$ ,  $h_i$  表示时间序列  $\theta(i)$  的箱子宽度,  $N$  为样本数,  $\sigma_i$  为方向变量的标准偏差。对于相位信号, 取值范围为  $[-\pi, \pi]$ , 所以箱子数量为  $k_i = 2\pi/h_i$ 。最后, 利用该箱子中数据点的数量除以数据点的总数计算每个箱子的概率, 即  $p(b_i) = N(b_i)/N$ ,  $b_i = 1, 2, \dots, k_i$ 。

[0075] 对一已知连续序列欲进行具体熵值变化分析, 首先需将获得的连续序列分成若干子序列, 计算子序列熵值, 从而反映整体序列变化特征。将长度为  $N$  的时间序列分为若干个长度为  $w$  的子序列, 这些子序列的截取可以相互重叠也可以不重叠, 本文选取子序列最大重叠序列, 即每个子序列向后移动一个数据点得到下一个子序列, 这样得到的子序列个数为  $N - w + 1$ 。在子序列长度的选择上, 若  $w$  过小, 则计算结果会失去统计学意义;  $w$  取值过大, 相位排列熵值计算不准确, 误差较大。本实验中  $w = 100$ 。

[0076] 对于相空间重构维数  $m$  和重构时延  $t$ , 取  $m = 3, 4, 5, 6$ ,  $t = 1$ 。

[0077] 结果如表4, 绘图如图5:

[0078] 表4: 不同信号的相位排列熵和相位传递熵均值  $\pm$  标准差

[0079]

N=2500, m=5, t=1	相位排列熵均值 $\pm$ 标准差	相位传递熵均值 $\pm$ 标准差
正常窦性信号 (N)	$3.9957 \pm 0.09856$	$1.0567 \pm 0.20021$
充血性心力衰竭 (CHF)	$3.4247 \pm 0.13161$	$0.9501 \pm 0.241$
室性心动过速 (VT)	$1.2815 \pm 0.337$	$0.6906 \pm 0.14859$

[0080] 结果表明, 相位排列熵值  $N > CHF > VT$ 。熵值越大, 反映出时间序列的非线性动力学成分所占比例越大。所以说, 正常窦性信号的非线性动力学复杂性大于充血性心力衰竭信号大于室性心动过速信号。因为当出现异常心电信号时, 心脏内部组织结构的自谐控制受到破坏, 造成心脏系统活动的动力学复杂性降低, 表现为心脏生理信号的动力学复杂性下降。

[0081] 图5中, 正方形实线代表用相位排列熵计算得到正常窦性信号的均值标准差, 正方形虚线代表用相位传递熵计算得到的正常窦性信号的均值标准差; 下三角实线代表用相位排列熵计算得到的充血性心力衰竭信号的均值标准差, 下三角虚线代表用相位传递熵计算得到的充血性心力衰竭的均值标准差; 圆形实线代表用相位排列熵计算得到室性心跳加速信号的均值标准差, 圆形虚线代表用相位传递熵计算得到的室性心跳加速信号的均值标准差。图5所示表明, 相位排列熵能很明显区分正常窦性信号 (N), 充血性心力衰竭 (CHF), 室性心动过速 (VT), 而相位传递熵对于上述三者较难区分。综上, 利用相位传递熵可以检测识别分类心电异常信号。



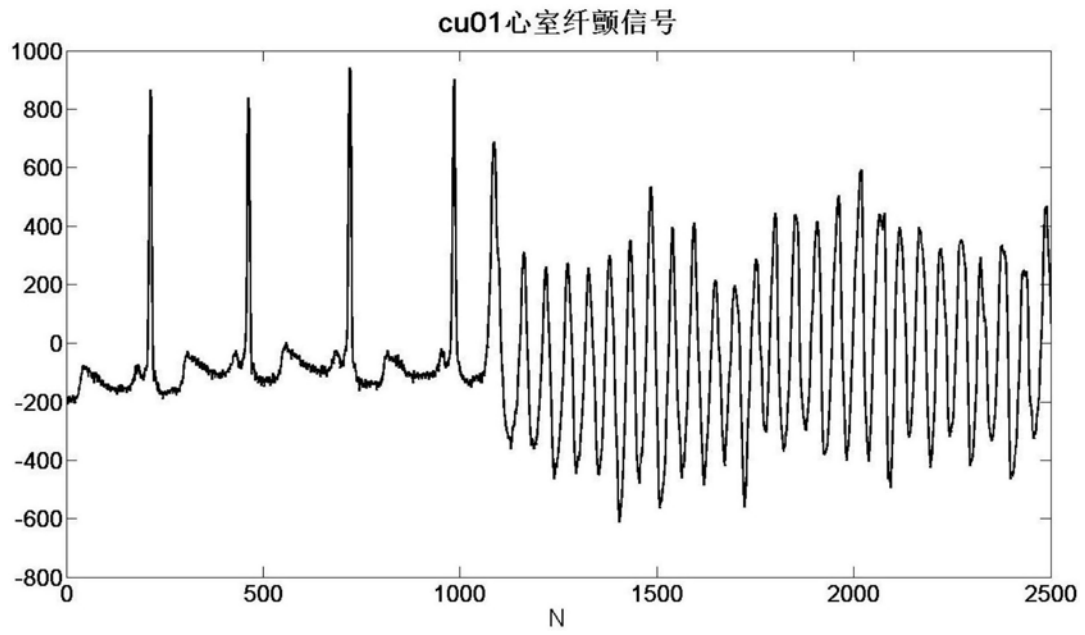


图1

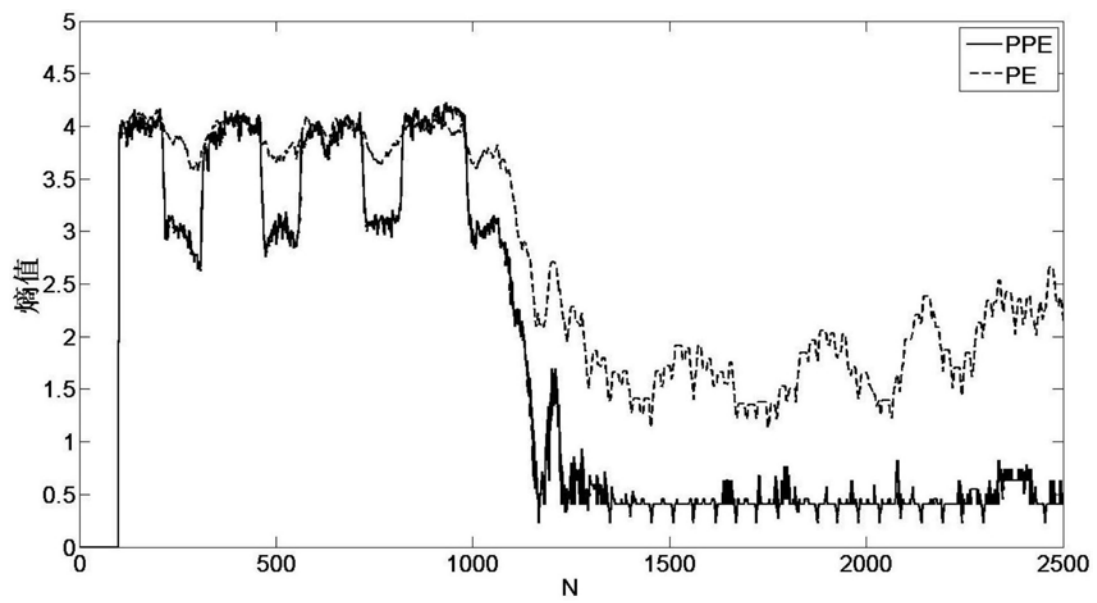


图2

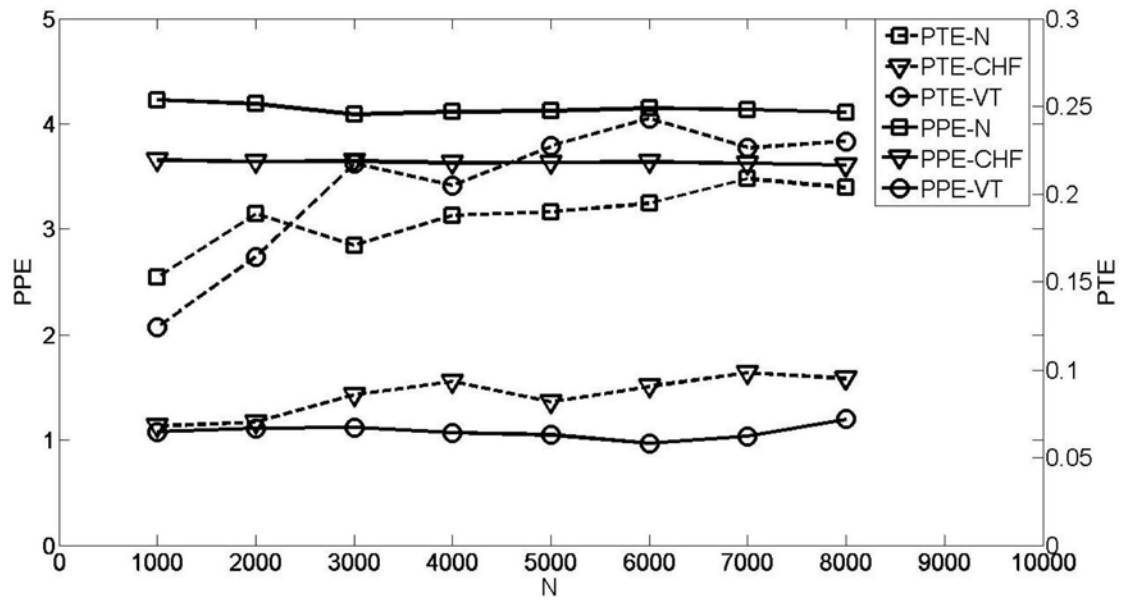


图3

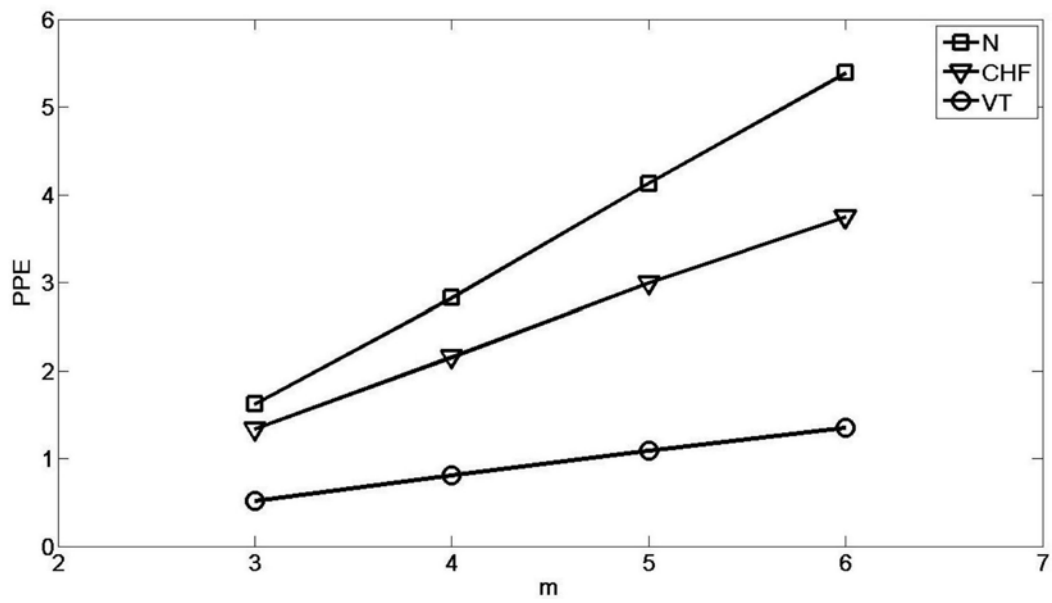


图4

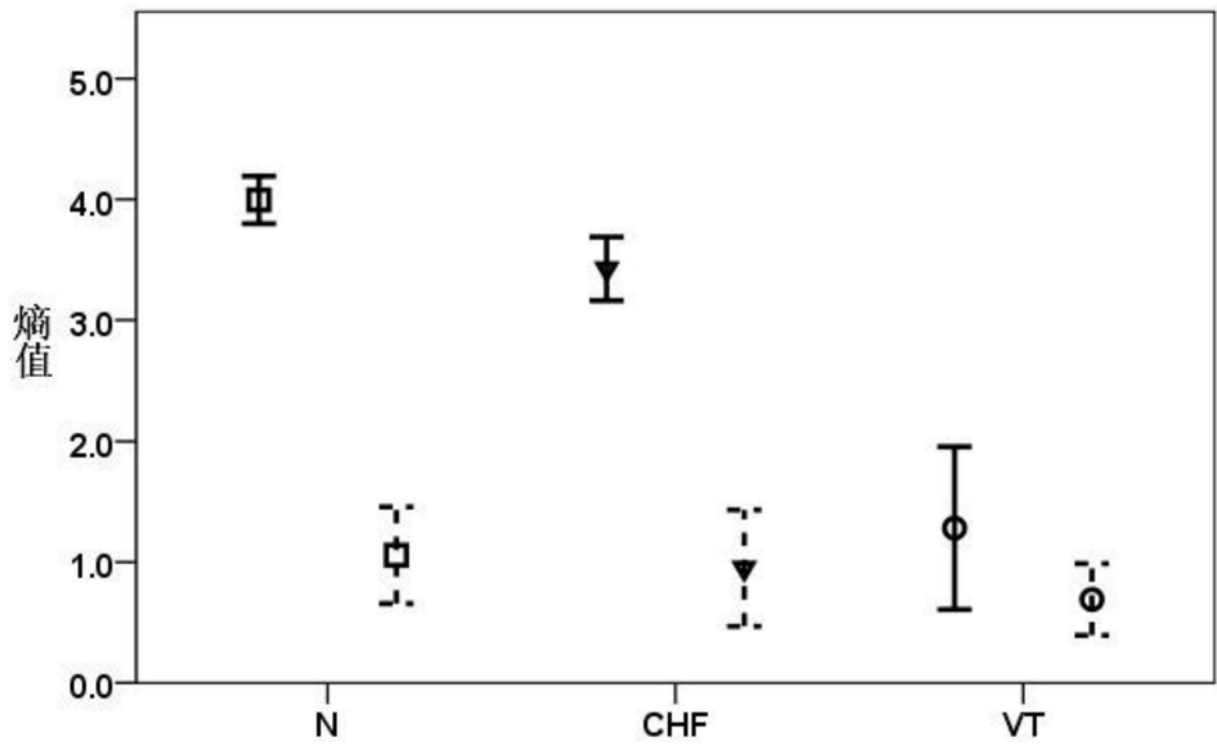


图5

专利名称(译)	一种基于相位排列熵的心电信号异常识别方法		
公开(公告)号	<a href="#">CN108309238A</a>	公开(公告)日	2018-07-24
申请号	CN201810088734.8	申请日	2018-01-30
[标]申请(专利权)人(译)	陕西师范大学		
申请(专利权)人(译)	陕西师范大学		
当前申请(专利权)人(译)	陕西师范大学		
[标]发明人	张小凤 康欢 宋晔 张光斌		
发明人	张小凤 康欢 宋晔 张光斌		
IPC分类号	A61B5/00		
CPC分类号	A61B5/7282 A61B5/7285		
代理人(译)	曹宇飞		
外部链接	<a href="#">Espacenet</a> <a href="#">SIPO</a>		

#### 摘要(译)

本发明涉及一种基于相位排列熵的心电信号异常识别方法，其利用希尔伯特变换和Shannon信息熵计算出标准心电信号的相位排列熵，利用SPSS软件统计构建各类标准心电信号的相位排列熵值类别范围，将待检心电信号与标准心电信号的相位排列熵值类别范围进行比较，确定出待检心电信号所属类别；本发明从数据源头入手，引入包含更多序列特征的相位信息，实现对信号细微变化的显著检测，此外只需较短的序列长度就能估计出较稳定的系统特征值，能够实现对心电异常信号的精准检测和实时反馈，便于及时做出预防治疗措施。

