



(12)发明专利申请

(10)申请公布号 CN 107582037 A

(43)申请公布日 2018.01.16

(21)申请号 201710916372.2

(22)申请日 2017.09.30

(71)申请人 深圳前海全民健康科技有限公司

地址 518052 广东省深圳市前海深港合作
区前湾一路1号A栋201室

(72)发明人 林祝发

(51)Int.Cl.

A61B 5/021(2006.01)

A61B 5/00(2006.01)

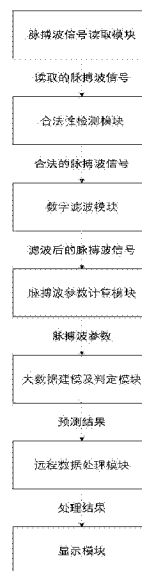
权利要求书5页 说明书12页 附图6页

(54)发明名称

基于脉搏波设计医疗产品的方法

(57)摘要

一种基于脉搏波的医疗产品设计方法,步骤包括:1)利用脉搏波采集装置采集到脉搏波;2)设计产品的脉搏波参数计算模块,用来计算和提取脉搏波的各类特征参数;3)设计产品的数值预测模型或分类预测模型构建模块,用来基于脉搏波的各类特征参数构建模型,通过模型实现对作为目标变量的生理特征进行数值预测或分类预测,得出被测试者相应的生理状态。本发明的设计方法,能够有效地提高医疗产品的便携性、准确性,同时减少医疗产品的成本,并降低医疗产品的使用门槛。



1. 一种基于脉搏波的医疗产品设计方法,其特征是步骤包括:

1) 利用脉搏波采集装置采集到脉搏波;

2) 设计产品的脉搏波参数计算模块,用来计算和提取脉搏波的各类特征参数;

3) 设计产品的数值预测模型或分类预测模型构建模块,用来基于脉搏波的各类特征参数构建模型,通过模型实现对作为目标变量的生理特征进行数值预测或分类预测,得出被测试者相应的生理状态。

2. 根据权利要求1所述的设计方法,其特征是还包括步骤4) 设计远程云端服务器,把步骤1~3) 中得到的模型和/或数据上传至云端,远程进行数据处理。

3. 根据权利要求1所述的设计方法,其特征是所述步骤2) 中,在设计产品的脉搏波参数计算模块之前,还包括步骤:

先设计产品的合法性检测模块,用来对脉搏波信号进行运算检测,判定此脉搏波是否合法;

再设计产品的数字滤波模块,用来对合法的脉搏波进行去噪与变换;

由产品的脉搏波参数计算模块对上述步骤得到脉搏波进行计算,得到脉搏波的各类特征参数,并输出至样本数据库,为步骤3) 的数值预测模型或分类预测模型的模型构建提供样本支撑;同时输出至数值预测模型或分类预测模型进行预测或判定。

4. 根据权利要求1所述的设计方法,其特征是所述步骤3) 中,

设计产品的大数据建模及判定模块,对步骤2) 得到的脉搏波的特征参数进行提取,构建数值预测模型或分类预测模型,利用模型对被测试者的人体生理特征进行精准判定和评估。

5. 根据权利要求1所述的设计方法,其特征是所述步骤4) 中:

利用GPRS网络、3G网络、4G网络和/或WIFI网络接入互联网,将步骤1)~3) 得到的数据传输并存储到远程云端服务器,由服务器对数据进行分类、查询、统计、分析和管理;

产品的显示模块接收服务器提供的数据服务功能的结果以报表或图形的方式显示到产品的屏幕上。

6. 根据权利要求1所述的设计方法,其特征是所述步骤2) 中,脉搏波的特征参数分为三类:脉搏波时域类参数、脉搏波频域类参数、脉搏波统计类参数;

所述脉搏波时域类参数是对脉搏波采样序列的特征点在时间序列上的位置即时间点、幅度、以及各点围成的面积等因素综合分析得出的参数;这里的特征点包括脉搏波的波峰、波谷、拐点、重搏点和反射点;

所述脉搏波频域类参数是对脉搏波频谱的特征点在频域序列上的位置即频点、幅度、以及各点围成的面积等因素综合分析得出的参数;这里的特征点包括最大峰值点、各谐波峰值点和特定频点;

所述脉搏波统计类参数是对多个脉搏波信号的脉搏波时域类参数和脉搏波频域类参数统计构造得到的参数。

7. 根据权利要求1所述的设计方法,其特征是所述步骤3) 中,数值预测模型或分类预测模型构建方法为:

3.1) 数据预处理

对步骤2) 得到的脉搏波参数数据进行预处理,步骤为:

第一步,剔除数据中存在的无效值,清洗异常值,对缺失值进行插补;

第二步,数据变换,方法包括归一化、离散化、指数变换或对数变换;

3.2) 特征工程

对数据预处理产生的脉搏波参数进行指标生成,方式为:

方式一,数据降维,采取PCA、LDA等降维算法对脉搏波参数进行数据降维,获取建模指标;

方式二,特征选择,方案有三种,分别是

1.FiIter方案的特征选择:通过考察作为自变量的脉搏波参数和作为目标变量的生理特征之间的关联,从而生成建模指标;

2.Wrapper方案的特征选择:通过目标函数来决定是否将一个脉搏波参数加入到模型中,从而生成建模指标;

3.Embedded方案的特征选择:通过机器学习对脉搏波参数自动进行特征选择,从而生成建模指标。

方式三,变量衍生,对作为原始参数的脉搏波参数进行加工,生成有意义的变量;

通过以上三种方式得到需要建立模型的指标;再对建模指标和生理特征的关系建立相应的模型;

3.3) 构造数值预测模型或分类预测模型

预测分为两种场景,第一种场景是对生理特征进行数值预测;第二是对生理特征进行分类;根据不同的应用场景,构造数值预测模型或分类预测模型;

1. 生理特征数值预测

生理特征是数值型变量时,根据不同的应用场景以及对建模指标和生理特征关系的理解不同,包括以下三种建模方法:

1.1 参数模型预测生理特征数值

针对建模指标和生理特征的关系明确的场景,采用参数建模方法构建模型来实现对生理特征的数值预测,步骤如下:

第一步,将由建模指标和生理特征组成的数据划分为训练集和测试集;

第二步,在训练集基础上,采用交叉验证方法,通过回归方法来拟合建模指标和生理特征之间的关系;

1.2 非参数模型预测生理特征数值

针对建模指标和生理特征的关系不明确的场景,采用非参数建模方法构建模型来实现对生理特征的数值预测,步骤如下:

第一步,将由建模指标和生理特征组成的数据划分为训练集和测试集;

第二步,在训练集基础上,采用交叉验证方法、通过核函数法、最近邻函数法、样条函数法或小波函数法构建非参数模型;

1.3 半参数模型预测生理特征数值

针对部分建模指标和生理特征的关系明确,部分建模指标和生理特征的关系不明确的场景,采用半参数建模方法构建模型来实现对生理特征的数值预测,步骤如下:

第一步,将数据划分为训练集和测试集;

第二步,在训练集基础上,采用交叉验证方法,通过将一部分指标的参数模型和非参数

模型结合构造半参数模型；

2. 生理特征分类预测

生理特征是类别型变量时,对生理特征进行分类,构建分类预测模型,分类预测模型的方法分为单分类器和集成分类器两种。

2.1. 方法一:单分类器

单分类器包括决策树分类器、神经网络分类器、支持向量机分类器、贝叶斯分类器以及逻辑回归分类器；

a. 决策树分类器

在建模指标和生理特征存在较为明显的线性关系的情况下,采用决策树分类器对生理特征进行分类；

根据已有的建模指标和其对应该生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造决策树,步骤如下：

第一步,在信息增益最大化或者基尼系数最大化的原则指导下,选择指标；

第二步,采用预剪枝或后剪枝策略,修剪决策树,最终满足损失函数最小化这一限定条件,形成最终可以对数据分类的决策树；

第三步,通过决策树实现对类别型生理特征精准分类；

b. 神经网络分类器

在建模数据量大的情况下,采用神经网络分类器对生理特征进行分类；

根据已有的建模指标和其对应该生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造人工神经网络;根据实际应用场景,确定神经网络的层数以及每个隐藏层神经元的个数;在确定层数和神经元个数之后,基于梯度下降等原则调节神经网络的参数,不断更新参数,直到满足终止的条件,最终满足损失函数最小化这一限定条件,从而形成最终对由建模指标和生理特征组成的数据分类的神经网络；

针对海量数据集、高维特征指标的场景,基于深度学习构造神经网络模型实现对生理特征的高效、精准判别；

c. 支持向量机分类器

在建模指标维数较高,生理特征数据量较少的情况下,采用支持向量机分类器对生理特征进行分类；

根据已有的建模指标和其对应该生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造支持向量机;针对不同的场景选取合适的核函数,以及惩罚参数,最终确定支持向量,以满足损失函数最小化这一限定条件,形成最终可以对生理特征分类的支持向量机；

d. 贝叶斯分类器

在建模指标的相关性较小且数据指标维度较高的情况下,采用贝叶斯分类器对生理特征进行分类；

根据已有的建模指标和其对应该生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造贝叶斯分类器;通过分析训练集,得到生理特征数据分布的先验概率,在后验概率最大化准则的指导下,构建将生理特征精准分类的贝叶斯分类器；

e. 逻辑回归分类器

在建模指标相关性较弱,且对分类的精度要求不高的情况下,采用逻辑回归分类器作为集成分类器的基分类器,最终实现对生理特征的精准分类;

根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造逻辑回归分类器;在满足损失函数最小化的条件下,计算逻辑回归分类器的参数,形成最终可以对生理特征分类的逻辑回归分类器;

2.2方法二:集成分类器

在单分类器对生理特征分类效果不佳的情况下,采用集成分类器来提高判断的精度。集成分类器以单个分类器为基础,通过对单个分类器的组合,形成强分类器,最终实现对数据的精准分类;

集成分类器包括Boosting类或bagging类;

Boosting集成分类器包括Adaboost、Xgboost;

a. Adaboost分类器

针对无法自行进行特征指标选择的情况,采用Adaboost分类器自动进行特征工程,并完成建模,实现生理特征的精准判别,步骤如下:

根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合而成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造Adaboost分类器;依据Adaboost算法,不断更新训练集的样本权重和基分类器的权重,最终形成基分类器的线性组合,从而形成最终可以对生理特征数据分类的Adaboost分类器;

b. Xgboost分类器

针对需要自行构造损失函数和判别指标的生理特征分类的情况,采用Xgboost分类器对生理特征进行精准判别,步骤如下:

根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合而成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造Xgboost分类器;设定迭代次数 t ,构建 t 个分类器;每一轮的分类器的初始值是上一轮预测值与实际值的残差;调节Xgboost的参数,最终获得强分类器,从而实现对生理特征数据的精准分类;

bagging算法主要包括随机森林等算法;针对生理特征数据量较大,特征指标较多,无法自行进行特征选择的情况,采用随机森林分类器,构建随机森林分类器的步骤如下:

根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合而成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造随机森林分类器;设定树的棵树 m ,从原始训练集中抽取一部分数据,构造 m 个新的训练数据;从原始指标中抽取一部分建模指标,构造 m 个新的指标集;将新的训练数据和新的指标集对应组合,构造基分类器,最终将基分类器组合,按照投票选取的方式,形成强分类器,从而实现对生理特征数据的精准分类;

3.4) 评估数值预测模型或分类预测模型

根据不同的生理特征预测要求,构建数值预测模型或分类预测模型;模型完成之后,在测试集上评价模型的质量;数值预测模型主要以预测值与实际值的误差均值和误差标准差作为评价指标;分类预测模型以实际类别和预测类别的准确率、召回率等一系列指标作为评价指标;如果模型质量无法满足实际应用要求,返回特征工程步骤,重新生成新的生理指标和新的模型;

3.5) 确定和使用模型

确定生成的模型满足实际应用要求,有效存储该模型,并利用该模型对新生理特征数据进行预测。

基于脉搏波设计医疗产品的方法

技术领域

[0001] 本发明属于生物医学工程应用领域,具体是基于脉搏波设计医疗产品的方法。

背景技术

[0002] 随着我国人民生活水平的不断提高,我国人民对自身健康的重视程度也日益提高,对医疗产品的需求也日益迫切。目前市面上主要医疗产品都存在着成本过高、便携性较低、对操作者的要求较高等问题。

[0003] 脉搏波一种是利用生物传感器对生物外周循环系统的直径、体积和压力等变化采集的生物信号,这些信号包含了生物体中非常丰富的生理生化特征,这些生理生化特征总体分为如下几类:1、化学信号,例如血液中的血氧含量、血液中的葡萄糖含量、血液中的激素含量等;2、物理信号,例如血管硬度,血液粘度、血管弹性等;3、生物信号,例如神经系统中的活性,人体主要脏器的功能等。

发明内容

[0004] 本发明是通过处理脉搏波的相关特征,对其进行大数据模型的分类筛选,可以得出被测试人员当下的生理状态。作为一种无创的、易采集的生理信号,脉搏波的采集具有成本低,易操作等优点。脉搏波采集装置具有体积小的优点。故基于上述特点,通过对脉搏波的处理是一种低成本,易操作,可便携的医疗产品设计方法。

[0005] 本发明的基于脉搏波的医疗产品设计方法,能够有效地提高医疗产品的便携性、准确性,同时减少医疗产品的成本,并降低医疗产品的使用门槛。

[0006] 本发明的设计思想是:

[0007] 首先利用脉搏波采集装置采集到脉搏波信号,交由信号处理模块进行信号处理;

[0008] 接着计算出脉搏波参数;

[0009] 然后利用脉搏波参数进行模型构建,通过模型实现对目标变量的数值预测或分类,得出被测试者相应的生理状态。

[0010] 进一步的,上述步骤中的将相关模型和数据还可以上传至云端并进行相应处理。

[0011] 具体来说,本发明的基于脉搏波的医疗产品设计方法的步骤如下:

[0012] 步骤一是脉搏波信号的载入:

[0013] 由脉搏波采集装置获取脉搏波信号;

[0014] 步骤二是脉搏波信号的合法性检测:

[0015] 由产品的合法性检测模块对脉搏波信号进行运算检测,判定此脉搏波是否合法;

[0016] 步骤三是脉搏波的去噪与变换:

[0017] 由产品的数字滤波模块对脉搏波进行去噪与变换;

[0018] 步骤四是脉搏波参数的提取:

[0019] 由产品的脉搏波参数计算模块进行处理得到脉搏波参数,并输出至大数据建模及判定模块中的样本数据库,为下一步的模型构建提供样本支撑。同时输出至数值预测模型

或分类预测模型进行预测或判定；

[0020] 步骤五是生理特征(目标变量)的数值预测或分类预测；

[0021] 产品的大数据建模及判定模块中的大数据建模子模块对样本数据库中的脉搏波参数进行特征提取,构建数值预测模型或分类预测模型,利用大数据判定子模块使用模型实现对被测试者人体生理特征的精准判定和评估；

[0022] 步骤六是远程数据处理:由产品利用GPRS网络、3G网络、4G网络或WIFI网络等网络连接方式接入互联网,将以上步骤产生的数据传输并存储到远程服务器,由远程服务器实现对数据进行分类,查询,统计,分析和管理等功能。

[0023] 步骤七是数据显示:

[0024] 产品的显示模块实现对远程服务器提供的数据服务功能的结果以报表或图形的方式显示到屏幕上。

[0025] 上述设计方法得到的基于脉搏波的医疗产品,其工作步骤包括:

[0026] 1) 利用脉搏波采集装置采集到脉搏波;

[0027] 2) 计算和提取脉搏波的各类特征参数;

[0028] 3) 基于脉搏波的各类特征参数构建模型,通过模型实现对生理特征(即目标变量)的数值预测或分类预测,得出被测试者相应的生理状态。

[0029] 4),把步骤1~3)中得到的模型和/或数据上传至云端,远程进行数据处理。

[0030] 所述步骤2)中,计算和提取脉搏波的各类特征参数之前,还包括步骤:

[0031] 先对脉搏波信号进行运算检测,判定此脉搏波是否合法;

[0032] 再对合法的脉搏波进行去噪与变换;

[0033] 最后对上述步骤得到脉搏波进行计算,得到脉搏波的各类特征参数,并输出至样本数据库,为步骤3)的数值预测模型或分类预测模型的模型构建提供样本支撑;同时输出至数值预测模型或分类预测模型进行预测或判定;

[0034] 所述步骤3)中,对步骤2)得到的脉搏波的特征参数进行提取,构建数值预测模型或分类预测模型,利用模型对被测试者的人体生理特征的精准判定和评估。)

[0035] 所述步骤4)中,利用GPRS网络、3G网络、4G网络和/或WIFI网络接入互联网,将步骤1)~3)得到的数据传输并存储到远程云端服务器,由服务器对数据进行分类、查询、统计、分析和管理;

[0036] 产品的显示模块接收服务器提供的数据服务功能的结果以报表或图形的方式显示到产品的屏幕上。

附图说明

[0037] 图1为本方法设计得到医疗产品的系统及工作流程图;

[0038] 图2为大数据建模及判定模块子模块工作流程图;

[0039] 图3为脉搏波合法性检测流程图;

[0040] 图4为数字滤波流程图方式1;

[0041] 图5为数字滤波流程图方式2;

[0042] 图6为生理指标分类预测流程图。

具体实施方式

[0043] 一种基于脉搏波的医疗产品设计方法,步骤包括:

[0044] 1) 利用脉搏波采集装置采集到脉搏波;

[0045] 2) 设计产品的脉搏波参数计算模块,用来计算和提取脉搏波的各类特征参数;

[0046] 3) 设计产品的数值预测模型或分类预测模型构建模块,用来基于脉搏波的各类特征参数构建模型,通过模型实现对作为目标变量的生理特征进行数值预测或分类预测,得出被测试者相应的生理状态;

[0047] 4) 设计远程云端服务器,把步骤1~3)中得到的模型和/或数据上传至云端,远程进行数据处理。

[0048] 所述步骤2)中,在设计产品的脉搏波参数计算模块之前,还包括步骤:

[0049] 先设计产品的合法性检测模块,用来对脉搏波信号进行运算检测,判定此脉搏波是否合法;

[0050] 再设计产品的数字滤波模块,用来对合法的脉搏波进行去噪与变换;

[0051] 由产品的脉搏波参数计算模块对上述步骤得到脉搏波进行计算,得到脉搏波的各类特征参数,并输出至样本数据库,为步骤3)的数值预测模型或分类预测模型的模型构建提供样本支撑;同时输出至数值预测模型或分类预测模型进行预测或判定;

[0052] 所述步骤3)中,设计产品的大数据建模及判定模块,对步骤2)得到的脉搏波的特征参数进行提取,构建数值预测模型或分类预测模型,利用模型对被测试者的人体生理特征进行精准判定和评估。

[0053] 所述步骤4)中,利用GPRS网络、3G网络、4G网络和/或WIFI网络接入互联网,将步骤1)~3)得到的数据传输并存储到远程云端服务器,由服务器对数据进行分类、查询、统计、分析和管理的;

[0054] 产品的显示模块接收服务器提供的数据服务功能的结果以报表或图形的方式显示到产品的屏幕上。

[0055] 所述步骤2)中,脉搏波的特征参数分为三类:脉搏波时域类参数、脉搏波频域类参数、脉搏波统计类参数;

[0056] 所述脉搏波时域类参数是对脉搏波采样序列的特征点在时间序列上的位置即时间点、幅度、以及各点围成的面积等因素综合分析得出的参数;这里的特征点包括脉搏波的波峰、波谷、拐点、重搏点和反射点;

[0057] 所述脉搏波频域类参数是对脉搏波频谱的特征点在频域序列上的位置即频点、幅度、以及各点围成的面积等因素综合分析得出的参数;这里的特征点包括最大峰值点、各谐波峰值点和特定频点;

[0058] 所述脉搏波统计类参数是对多个脉搏波信号的脉搏波时域类参数和脉搏波频域类参数统计构造得到的参数。

[0059] 具体到本例,如图1,一种基于脉搏波设计个人医疗产品的方法,利用脉搏波采集装置得到被测者的脉搏波,传递到信号处理模块检测脉搏波的合法性,并去除传递到脉搏波信号的噪音和伪像,通过参数计算模块计算出脉搏波参数传递到大数据分析判定模块,得出被测者具体的生理状态,最后将数据回传至云端数据模块,作为样本提升大数据分析

判定模块的准确性和鲁棒性。

[0060] 步骤一是脉搏波信号的载入：

[0061] 由脉搏波采集装置对本方法设计的系统中传入脉搏波信号；

[0062] 步骤二是脉搏波信号的合法性检测：

[0063] 由产品的计算模块对脉搏波信号进行运算检测，判断脉搏波是否合法；

[0064] 步骤三是脉搏波的去噪与变换：

[0065] 由产品的数字滤波模块对脉搏波进行变换，得到有效脉搏波；

[0066] 方式1(小波变换方式)：对采集到的脉搏波信号进行小波分解，得到高中低频信号，选定动态阈值方法，分别进行滤波，去除无效信号；

[0067] 方式2(傅里叶方式)：对采集到的脉搏波信号进行经典滤波器处理，分别通过陷波滤波器、高通滤波器、低通滤波器、带通滤波器去除无效信号；

[0068] 步骤四是脉搏波参数的提取：

[0069] 由产品的脉搏波参数计算模块进行处理得到脉搏波参数，并输出至图2描述的样本数据库，为下一步的模型构建提供样本支撑。同时输出至数值预测模型或分类预测模型进行预测或判定；

[0070] 步骤五是生理特征的数值预测模型或分类预测模型的构建和使用；

[0071] 产品的大数据建模及判定模块中的大数据建模子模块根据样本数据库的脉搏波参数进行特征提取，构建数值预测模型或分类预测模型，并使用大数据判定子模块利用模型实现对人体生理状态的精准判定和评估；

[0072] 步骤六是远程数据处理：由产品利用GPRS网络、3G网络、4G网络或WIFI网络等网络连接方式接入互联网，将以上步骤产生的数据传输并存储到远程服务器，由远程服务器实现对数据进行分类，查询，统计，分析和管理等功能。

[0073] 步骤七是数据显示：

[0074] 产品的显示模块实现对远程服务器提供的数据服务功能的结果以报表或图形的方式显示到屏幕上。

[0075] 具体来说，本方法设计得到的医疗产品如图1所示：

[0076] 步骤一是脉搏波信号的载入：

[0077] 由脉搏波采集装置对本方法设计的产品中传入脉搏波信号；

[0078] 步骤二是脉搏波信号的合法性检测(如图3所示)：

[0079] 首先载入脉搏波信号，对脉搏波信号长度进行计数，判断其长度是否满足最低要求，若不满足要求，则该信号不合法；对信号进行长度为2048个点，步长为300个点的切割，分别然后计算信号0值长度，若长度不在目标范围。则该信号不合法；再进行快速傅里叶变换，计算频谱的极大值是否在目标范围内，若不在目标范围，则该信号不合法。计算波形极差，若极差在目标范围内，输出信号；

[0080] 步骤三是脉搏波的去噪与变换：

[0081] 方式1：将合法信号对信号进行长度为2048个点，步长为300个点的切割，分别进行平滑滤波、中值滤波，然后进行小波分解(如图4所示)，小波分解公式为：

$$[0082] \quad X(a, b) = \frac{1}{\sqrt{b}} \int_{-\infty}^{\infty} x(t) \Psi \left(\frac{t-a}{b} \right) dt$$

[0083] 其中, X 为变换后的信号, a 为时间, b 为尺度, $x(t)$ 为原信号, Ψ 为小波母函数, t 为时间自变量

[0084] 使用 sym8 小波将信号分解为高频, 中频, 低频三部分, 在这里选用 sym 小波是因为其具有正则性、正交性、具有较大的支撑长度并同时支持离散小波变换, 同时, 结合小波变换本身对生物信号具有较强的保护性, 可以最大限度地保留脉搏波携带的特异性信息, 使用分解的小波系数分别重建三部分信号, 低于阈值的信号进行舍弃。滤波结果进行重组, 得到有效信号。

[0085] 方式2: 将得到的合法信号进行经典滤波器变换 (如图5所示), 经典滤波方法较为成熟, 此种方法具有运算量小, 运算速度快, 对固定频带的噪声滤除较为彻底, 脉搏波波形相位变换可以预测等优点, 分别通过陷波滤波器、高通滤波器、低通滤波器、带通滤波器, 其公式为:

$$[0086] \quad \begin{aligned} y[n] &= b_0 x[n] + b_1 x[n-1] + \dots + b_N x[n-N] \\ &= \sum_{i=0}^N b_i \cdot x[n-i], \end{aligned}$$

[0087] 或者:

$$[0088] \quad \begin{aligned} y[n] &= \frac{1}{a_0} (b_0 x[n] + b_1 x[n-1] + \dots + b_P x[n-P] \\ &\quad - a_1 y[n-1] - a_2 y[n-2] - \dots - a_Q y[n-Q]) \end{aligned}$$

[0089] 其中: x 为滤波器的输入信号, y 为滤波器的输出信号, $a_0 \dots a_N, b_0 \dots b_N$ 为系数, N, P, Q 为滤波器阶数。

[0090] 通过滤波器后的信号即是有效信号。

[0091] 步骤四是脉搏波参数的提取:

[0092] 脉搏波参数分为三类: 脉搏波时域类参数、脉搏波频域类参数、脉搏波统计类参数。这三类参数从不同方面描绘了人体的心血管功能与神经系统功能, 描述内容涵盖了人体主要脏器的运转信息, 并对人体各项生理指标的定量描述提供了参考。

[0093] 脉搏波时域类参数:

[0094] 该类型参数是对脉搏波采样序列的特征点 (如波峰、波谷、拐点、重搏点、反射点等) 在时间序列上的位置 (时间点), 幅度, 以及各点围成的面积等因素综合分析得出的参数;

[0095] 脉搏波时域类参数的计算方法:

[0096] 首先, 载入步骤三处理后的脉搏波信号; 其次, 定位各个特征点; 再次, 计算各特征点的位置 (时间点)、幅度和面积; 最后通过各特征点的属性组合计算脉搏波时域类参数。

[0097] 例如: 脉搏波传导时间 (PWTT) 计算方法为:

$$[0098] \quad PWTT = \text{abs}(x_1 - x_2)$$

[0099] 其中 x_1 为定位的反射点对应的位置 (时间点), x_2 为定位的脉搏波加速度最大点对应的位置 (时间点)。

[0100] 首先,载入处理后的脉搏波信号;然后,对上述信号进行二次微分,定位第一个和第二个波峰,第一个波峰对应x2,第二个波峰对应x1,完成x1和x2特征点的定位;最后通过上述x1和x2所在位置的差的绝对值计算得出脉搏波时域类参数PWTT。

[0101] 脉搏波反射系数(RI)的计算方法为:

$$[0102] \quad RI = \frac{b}{a} * 100\%$$

[0103] 其中,b是第一次微分下得到重搏波位置对应未微分脉搏波的幅度,a为未微分脉搏波最大点的幅度。

[0104] 首先,载入处理后的脉搏波信号;然后,对脉搏波采样序列进行排序处理,定位脉搏波最大点;接着,对脉搏波进行一次微分,定位脉搏波重搏点;最后通过脉搏波最大点幅度a和脉搏波重搏点幅度b的比值并归一化处理得出脉搏波时域类参数RI。

[0105] 脉搏波脉搏周期总时间t的计算方法为:

$$[0106] \quad t = x3 - x0$$

[0107] 其中,x3为脉搏波最终波谷位置,x0为脉搏波起始波谷位置。

[0108] 首先,载入处理后的脉搏波信号;然后,对脉搏波采样序列进行排序处理,定位脉搏波起始波谷和最终波谷;最后通过脉搏波最终波谷x3和起始波谷x0的位置(时间点)差得出脉搏波时域类参数t。

[0109] 脉搏波上升期指数T1计算方法为:

$$[0110] \quad T1 = t1 / t * 100\%$$

[0111] 其中t是脉搏周期总时间,t1是脉搏周期上升期时间。

[0112] 首先,载入处理后的脉搏波信号;然后,对脉搏波采样序列进行排序处理,定位脉搏波最大值、起始波谷和最终波谷;接着,通过最终波谷x3和起始波谷x0的位置(时间点)差得出t;再通过脉搏波最大值的位置和起始波谷的位置(时间点)差得出t1;最后通过脉搏周期上升期时间t1和脉搏周期总时间t的比值并进行归一化处理得到T1。

[0113] 脉搏波下降期指数T2计算方法为:

$$[0114] \quad T2 = t2 / t * 100\%$$

[0115] 其中t是脉搏周期总时间,t2是脉搏周期下降期时间。

[0116] 首先,载入处理后的脉搏波信号;然后,对脉搏波采样序列进行排序处理,定位脉搏波最大值、起始波谷和最终波谷;接着,通过最终波谷x3和起始波谷x0的位置(时间点)差得出t;再通过脉搏波最大值的位置和最终波谷的位置(时间点)差得出t2;最后通过脉搏周期上升期时间t1和脉搏周期总时间t的比值并进行归一化处理得到T2。

[0117] 计算上述参数并输出至大数据建模及判定模块的样本数据库,为下一步的模型构建提供样本支撑。同时输出至数值预测模型或分类预测模型进行预测或判定;

[0118] 二、脉搏波频域类参数。

[0119] 该类型参数是对脉搏波频谱的特征点(如最大峰值点,各谐波峰值点,特定频点等)在频域序列上的位置(频点),幅度,以及各点围成的面积等因素综合分析得出的参数;

[0120] 脉搏波频域参数计算方法:

[0121] 首先,载入步骤三处理后的脉搏波信号;然后,利用现代谱分析手段(如傅里叶变换、AR谱估计等)得到脉搏波的频谱,再次,计算各特征点的位置(频点)、幅度和面积;最后

通过各特征点的属性组合计算脉搏波频域类参数。

[0122] 例如：脉搏波第一谐波比值F1。该参数为脉搏波第二谐波高度与第一谐波高度的比值，具体计算方法为：首先，载入步骤三处理后的脉搏波信号；然后，利用现代谱分析手段（如傅里叶变换、AR谱估计等）得到脉搏波的频谱，再对频谱进行排序处理定位到脉搏波第一谐波最大点和第二谐波最大点；最后通过脉搏波第二谐波最大点的高度与第一谐波最大点的高度的比值计算出脉搏波频域类参数F1。

[0123] 脉搏波第二谐波比值F2，该参数为脉搏波第三谐波高度与第二谐波高度的比值。具体计算方法为：首先，载入步骤三处理后的脉搏波信号；其次，利用现代谱分析手段（如傅里叶变换、AR谱估计等）得到脉搏波的频谱，再对频谱进行排序处理定位到脉搏波第二谐波最大点和第三谐波最大点；最后通过脉搏波第三谐波最大点的高度与第二谐波最大点的高度的比值计算出脉搏波频域类参数F2。

[0124] 脉搏波第一谐波功率P1，该参数为脉搏波功率谱第一谐波波段总功率。具体计算方法为：首先，载入步骤三处理后的脉搏波信号；其次，利用现代谱分析手段（如傅里叶变换、AR谱估计等）得到脉搏波的功率谱，再对功率谱进行排序处理定位到脉搏波第一谐波最大点和第一谐波两个两边相邻的最小点；最后通过脉搏波第一谐波最大点和第一谐波两个两边相邻的最小点围成的面积得到脉搏波频域类参数P1。

[0125] 三、脉搏波统计类参数。

[0126] 该类型参数是利用现代统计学对多个脉搏波信号的脉搏波时域类参数和脉搏波频域类参数构造得到的参数。

[0127] 脉搏波统计类参数计算方法：

[0128] 例如：全部脉搏周期的标准差SDNN计算方法为：

[0129] $SDNN = \text{std}(RR)$

[0130] 其中：RR为全部脉搏周期序列，具体为一段脉搏波的脉搏波时域类参数t组成的序列，std为计算标准差公式。

[0131] 全部脉搏周期的差值标准差SDSD计算方法为：

[0132] $SDSD = \text{std}(\text{diff}(RR))$

[0133] 其中：RR为全部脉搏周期序列，具体为一段脉搏波的脉搏波时域类参数t组成的序列，diff为对序列进行差分过程，std为计算标准差公式。

[0134] 脉搏第一谐波比值标准差VF1计算方法为：

[0135] $VF1 = \text{std}(FF)$

[0136] 其中：FF为一个个体不同时间测定的脉搏波频域类参数F1组成的序列，std为计算标准差公式。

[0137] 步骤五是生理特征的数值预测或分类预测（如图6所示）：

[0138] 一、数据预处理

[0139] 利用大数据建模子模块对样本数据库中的脉搏波参数数据进行预处理。步骤如下：

[0140] 第一，剔除数据中存在的无效值，清洗异常值，对缺失值进行插补。

[0141] 第二，数据变换，如归一化、离散化、指数变换、对数变换等等。

[0142] 通过以上两个步骤可以得到质量较高的脉搏波参数数据。之后，要采用特征工程，

选取适合的脉搏波参数生成建模指标。

[0143] 二、特征工程

[0144] 对数据预处理产生的脉搏波参数进行指标生成,方式如下:

[0145] 方式一,数据降维。采取PCA、LDA等降维技术对脉搏波参数进行数据降维,获取建模指标。

[0146] 方式二,特征选择。主要有三种类型的特征选择方案。

[0147] 1.Filter方案的特征选择。该方案主要考虑脉搏波参数(自变量)和生理特征(目标变量)之间的关联。主要方法有相关系数检验、卡方检验、信息增益以及互信息等,从而生成建模指标。

[0148] 2 Wrapper方案的特征选择。该方案主要通过目标函数来决定是否将一个脉搏波参数加入到模型中。主要方法有完全搜索、启发式搜索以及随机搜索等,从而生成建模指标。

[0149] 3.Embedded方案的特征选择。该方案主要通过机器学习对脉搏波参数自动进行特征选择。主要的方法有正则化、熵以及信息增益等,从而生成建模指标。

[0150] 方式三,变量衍生。对脉搏波参数(原始参数)进行加工,生成有意义的变量。主要通过函数变换等手段。

[0151] 通过以上三种方式,可以得到需要建立模型的指标。在得到建模指标之后,对建模指标和生理特征的关系建立相应的模型。

[0152] 三、构造数值预测模型或分类预测模型。

[0153] 预测主要分为两种场景,第一种场景是对生理特征进行数值预测;第二是对生理特征进行分类。根据不同的应用场景,构造数值预测模型或分类预测模型。

[0154] 1.生理特征数值预测。

[0155] 生理特征是数值型变量时,根据不同的应用场景以及对建模指标和生理特征关系的理解不同,主要有以下三种建模方法。

[0156] 1.1参数模型预测生理特征数值。针对建模指标和生理特征的关系明确的场景,我们采用参数建模方法构建模型来实现对生理特征的数值预测。具体步骤如下:第一,将数据(由建模指标和生理特征组成)划分为训练集和测试集。第二,在训练集基础上,采用交叉验证方法,通过回归方法来拟合建模指标和生理特征之间的关系,主要的计算方法有最小二乘方法、极大似然估计以及分位数回归等,通过上述方法计算模型参数,确定模型,从而实现对生理特征数值的精准预测。

[0157] 1.2非参数模型预测生理特征数值。针对建模指标和生理特征的关系不明确的场景,我们采用非参数建模方法构建模型来实现对生理特征的数值预测。具体步骤如下:第一,将数据(由建模指标和生理特征组成)划分为训练集和测试集。第二,在训练集基础上,采用交叉验证方法,通过核函数法,最近邻函数法,样条函数法,小波函数法等构建非参数模型。通过上述构建的非参数模型实现对生理特征数值的精准预测。

[0158] 1.3半参数模型预测生理特征数值。针对部分建模指标和生理特征的关系明确,部分建模指标和生理特征的关系不明确的场景,我们采用半参数建模方法构建模型来实现对生理特征的数值预测。具体步骤如下:第一,将数据划分为训练集和测试集。第二,在训练集基础上,采用交叉验证方法,通过将一部分指标的参数模型和一部分指标的非参数模型有

机结合构造半参数模型。通过上述构建的半参数模型实现对生理特征数值的精准预测。

[0159] 2. 生理特征分类预测

[0160] 生理特征是类别型变量时,要对生理特征进行分类,构建分类预测模型。分类预测模型的方法可分为单分类器和集成分类器两种。

[0161] 2.1. 方法一:单分类器

[0162] 单分类器主要有决策树分类器、神经网络分类器、支持向量机分类器、贝叶斯分类器以及逻辑回归分类器等。

[0163] a. 决策树分类器

[0164] 在建模指标和生理特征存在较为明显的线性关系的情况下,可采用决策树分类器对生理特征进行分类。

[0165] 根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造决策树。具体步骤如下:第一,在信息增益最大化或者基尼系数最大化的原则指导下,选择指标;第二,可采用预剪枝或后剪枝策略,修剪决策树,最终满足损失函数最小化这一限定条件,形成最终可以对数据分类的决策树。第三,通过决策树实现对类别型生理特征精准分类。

[0166] b. 神经网络分类器

[0167] 在建模数据量较大的情况下,可采用神经网络分类器对生理特征进行分类。

[0168] 根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造人工神经网络。根据实际应用场景,确定神经网络的层数以及每个隐藏层神经元的个数;在确定层数和神经元个数之后,基于梯度下降等原则调节神经网络的参数,不断更新参数,直到满足终止的条件,最终满足损失函数最小化这一限定条件,从而形成最终可以对数据(由建模指标和生理特征组成)分类的神经网络。针对海量数据集、高维特征指标的场景,基于深度学习构造卷积神经网络、循环神经网络等一系列神经网络模型(人工智能)能够实现对生理特征的高效、精准判别。

[0169] c. 支持向量机分类器

[0170] 在建模指标维数较高,生理特征数据量较少的情况下,可采用支持向量机分类器对生理特征进行分类。

[0171] 根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造支持向量机。针对不同的场景选取合适的核函数,以及惩罚参数,最终确定支持向量,以满足损失函数最小化这一限定条件,形成最终可以对生理特征分类的支持向量机。

[0172] d. 贝叶斯分类器

[0173] 在建模指标的相关性较小且数据指标维度较高的情况下,可采用贝叶斯分类器对生理特征进行分类。

[0174] 根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造贝叶斯分类器。通过分析训练集,得到生理特征数据分布的先验概率,在后验概率最大化准则的指导下,构建将生理特征数据精准分类的贝叶斯分类器。

[0175] e. 逻辑回归分类器

[0176] 在建模指标相关性较弱,且对分类的精度要求不高的情况下,可采用逻辑回归分类器作为集成分类器的基分类器,最终实现对生理特征的精准分类。

[0177] 根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合生成生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造逻辑回归分类器。在满足损失函数最小化的条件下,计算逻辑回归分类器的参数,形成最终可以对数据分类的逻辑回归分类器。

[0178] 2.2方法二:集成分类器

[0179] 在单分类器对生理特征分类效果不佳的情况下,采用集成分类器来提高判断的精度。集成分类器以单个分类器为基础,通过对单个分类器的组合,形成强分类器,最终实现对数据的精准分类

[0180] 集成分类器可采用Boosting类和bagging类等。

[0181] Boosting集成分类器主要有Adaboost,Xgboost等。

[0182] c.Adaboost分类器

[0183] 针对无法自行进行特征指标选择的情况,可采用Adaboost分类器自动进行特征工程,并完成建模,实现生理特征的精准判别。具体步骤如下:

[0184] 根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合而成的生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造Adaboost分类器。依据Adaboost算法,不断更新训练集的样本权重和基分类器的权重,最终形成基分类器的线性组合,从而形成最终可以对生理特征数据分类的Adaboost分类器。

[0185] d.Xgboost分类器

[0186] 针对需要自行构造损失函数和判别指标的生理特征分类的情况,可采用Xgboost分类器对生理特征进行精准判别。具体实现步骤如下:

[0187] 根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合而成的生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造Xgboost分类器。设定迭代次数 t ,构建 t 个分类器。每一轮的分类器的初始值是上一轮预测值与实际值的残差。调节Xgboost的参数,最终获得强分类器,从而实现对生理特征数据的精准分类。

[0188] bagging算法的主要包括随机森林等算法。针对生理特征数据量较大,特征指标较多,无法自行进行特征选择的情况,采用随机森林分类器。构建随机森林分类器的步骤如下:

[0189] 根据已有的建模指标和其对对应生理特征组合而成的生理特征数据,选取部分生理特征数据作为训练集,基于训练集,构造随机森林分类器。设定树的棵数 m ,从原始训练集中抽取一部分数据,构造 m 个新的训练数据;从原始指标中抽取一部分建模指标,构造 m 个新的指标集。将新的训练数据和新的指标集对应组合,构造基分类器,最终将基分类器组合,按照投票选取的方式,形成强分类器,从而实现对生理特征数据的精准分类。

[0190] 四、评估数值预测模型或分类预测模型。

[0191] 根据不同的生理特征预测要求,构建数值预测模型或分类预测模型。模型完成之后,在测试集上评价模型的质量。数值预测模型主要以预测值与实际值的误差均值和误差标准差作为评价指标。分类预测模型以实际类别和预测类别的准确率、召回率等一系列指标作为评价指标。如果模型质量无法满足实际应用要求,返回特征工程这一步骤,重新生成新的生理指标和新的模型。

[0192] 五、确定和使用模型。

[0193] 确定生成的模型满足实际应用要求,有效存储该模型,并利用该模型对新生理特征数据进行预测。

[0194] 六、数值预测模型和分类预测模型实例

[0195] 1、数值预测模型实例

[0196] 数值预测实例是血压预测模型。

[0197] 第一步,血压数据预处理。对血压数据进行数据清洗,对数值型指标归一化,对类别型指标因子化,这些指标为PWTT(脉搏波传导时间),height(身高),weight(体重),age(年龄),gender(性别)。将数据划分为训练集和测试集。

[0198] 第二步,血压特征工程。采用相关系数检验选择生理指标PWTT,height和weight。

[0199] 第三步,血压模型构建。由于指标PWTT经过理论证明,和血压存在线性关系,而其余指标与血压的关系不是特别明确,因此选择半参数回归模型作为血压预测模型,在训练集通过交叉验证构造半参数回归模型。

[0200] 第四步,血压模型评估。在测试集上的血压预测值与血压实际值误差均值为4.72毫米汞柱,血压实际值与血压预测值的误差标准差为7.3毫米汞柱,满足国家标准误差均值小于5毫米汞柱,误差标准差小于8毫米汞柱的要求。

[0201] 第五步,模型的确定和使用。由于半参数模型表现满足应用要求,对该模型进行有效存储并使用该模型对新的生理特征数据进行血压预测。

[0202] 2、分类预测模型实例。

[0203] 分类预测实例是吸毒判定模型。

[0204] 第一步,吸毒数据预处理。对数值指标归一化,对类别指标因子化,对目标变量因子化。指标为PWTT(脉搏波传导时间),height(身高),weight(体重),age(年龄),gender(性别),T1(脉搏波上升期指数),T2(脉搏波下降期指数)。目标变量为TF(是否吸毒)。

[0205] 第二步,吸毒特征工程。采用lasso逻辑回归筛选生理特征指标,剔除age指标。

[0206] 第三步,第一次吸毒分类器构建。在训练集通过交叉验证构建决策树,根据信息增益原则以及后剪枝步骤,剔除变量height,weight。形成分类器A。

[0207] 第四步,第一次吸毒分类器A评估。在测试集上验证分类器A分类效果,发现预测的准确率为75%,召回率为55%,模型质量较差,返回特征工程。

[0208] 第五步,第二次特征工程和吸毒分类器构建。由于单分类器预测效果差,选择随机森林作为强分类器。在训练集通过交叉验证自动进行特征工程,并构建随机森林分类器,形成分类器B。

[0209] 第六步,第二次吸毒分类器B评估。在测试集上验证随机森林分类效果,发现预测的准确率为95%,召回率为91%,模型质量较高,不需重新建模,保留分类器B。

[0210] 第七步,分类器的确定和使用。对第二次构建的吸毒分类器B进行有效存储并使用该分类器对新的生理特征数据进行分类。

[0211] 步骤六是远程数据处理:由产品利用GPRS网络、3G网络、4G网络或WIFI网络等网络连接方式接入互联网,将以上步骤产生的数据传输并存储到远程服务器,由远程服务器对数据进行分类,查询,统计,分析和管理等功能。

[0212] 步骤七是数据显示:

[0213] 产品的显示模块实现对远程服务器提供的数据服务功能的结果以报表或图形的方式显示到屏幕上。

[0214] 最后所应说明的是,以上实施例仅用以说明本发明的技术方案而非限制。尽管参照实施例对本发明进行了详细说明,本领域的普通技术人员应当理解,对本发明的技术方案进行修改或者等同替换,都不脱离本发明技术方案的精神和范围,其均应涵盖在本发明的权利要求范围当中。

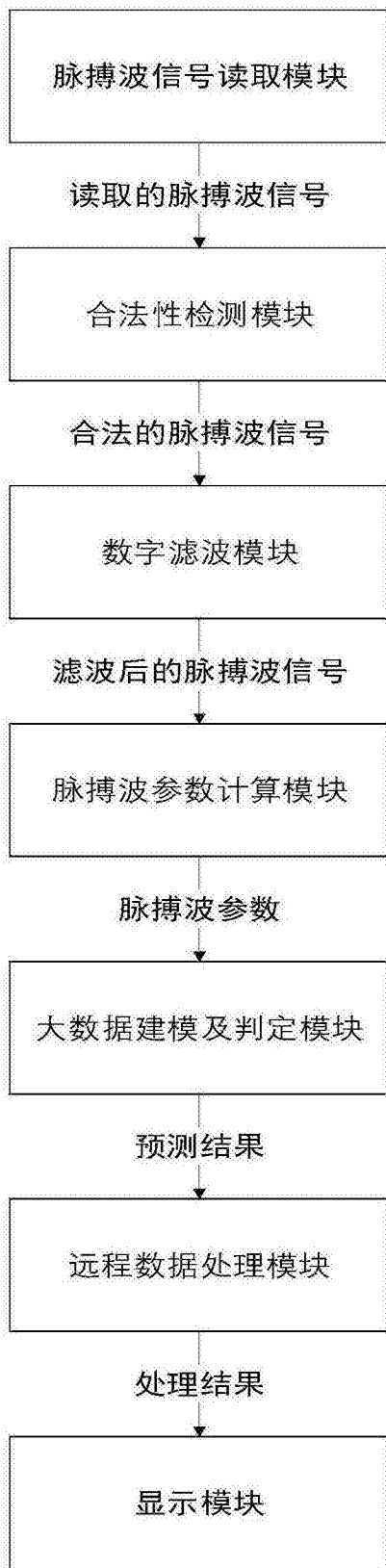


图1

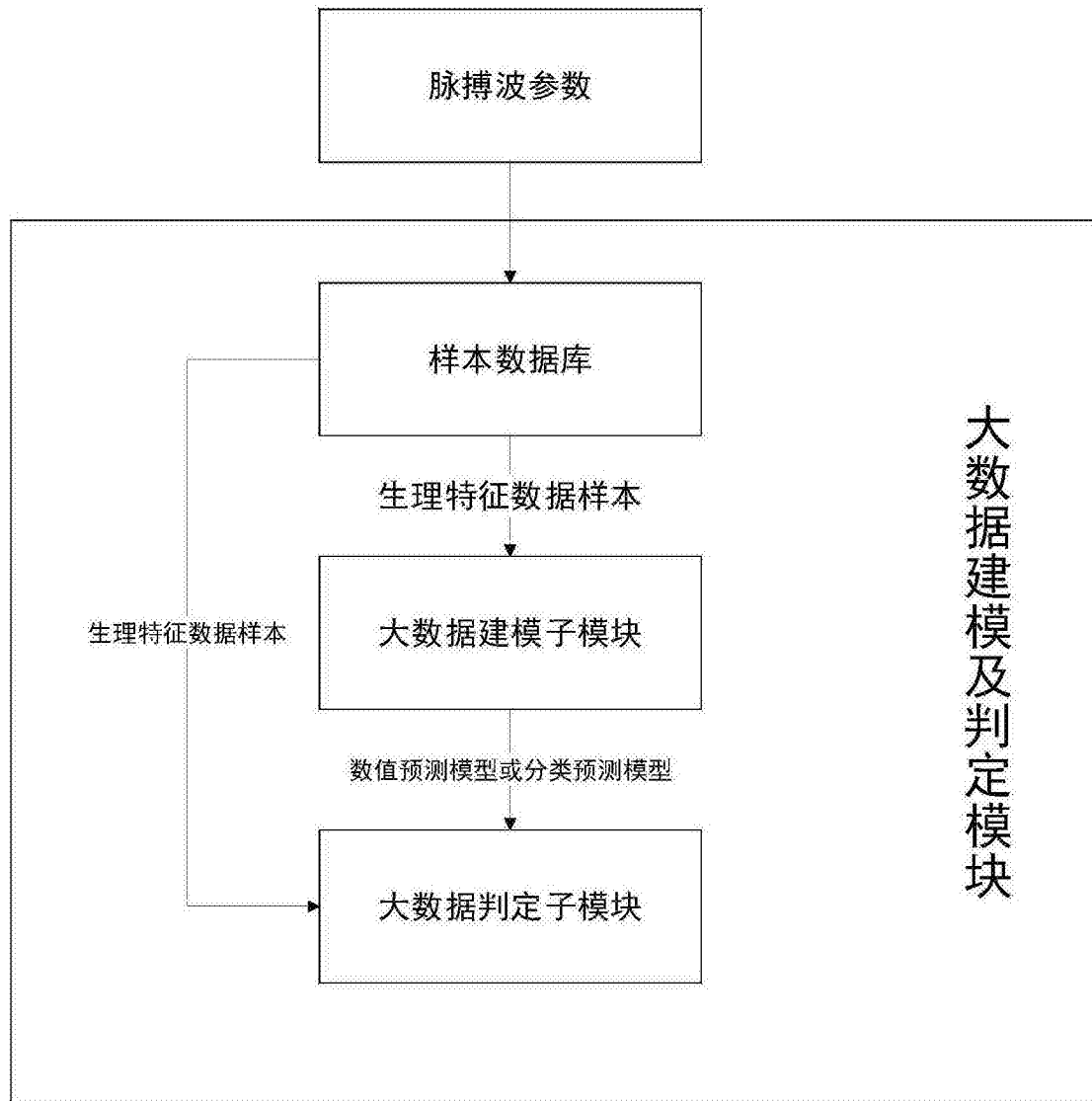


图2

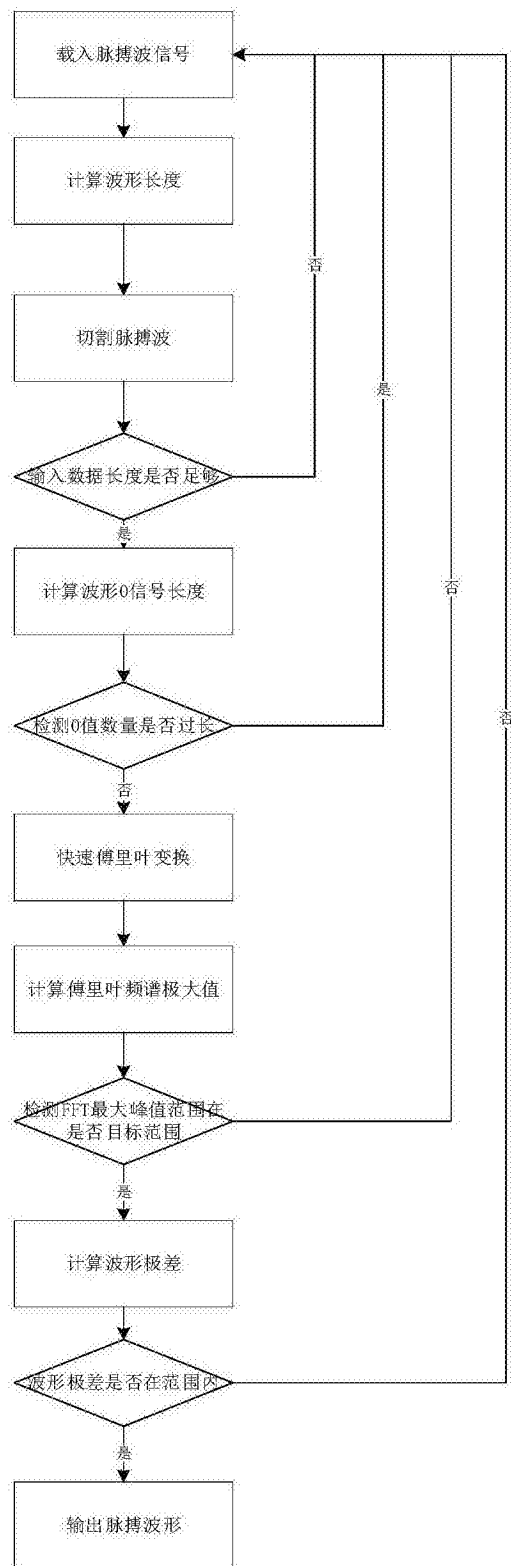


图3

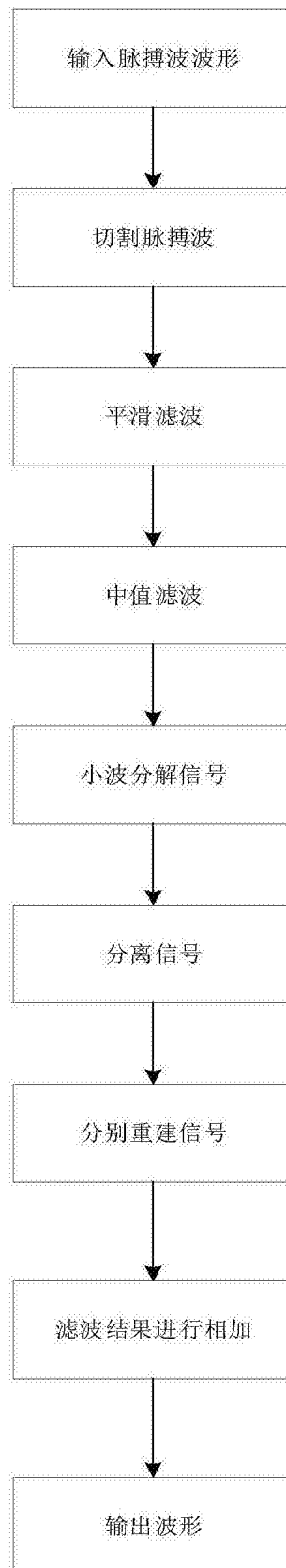


图4

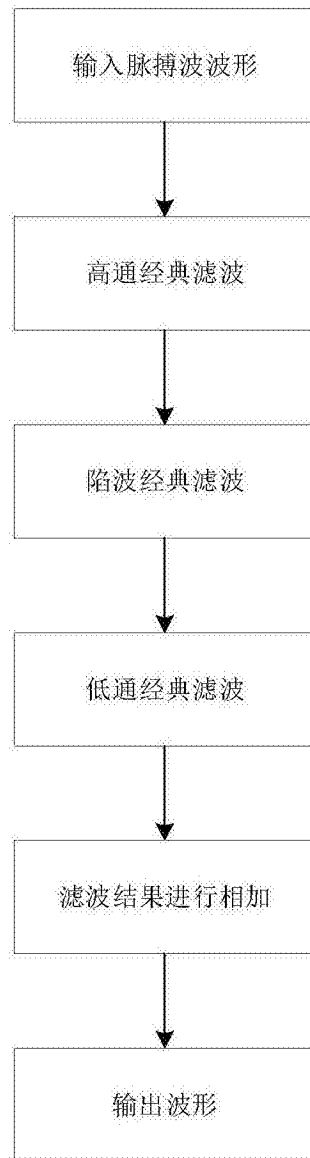


图5

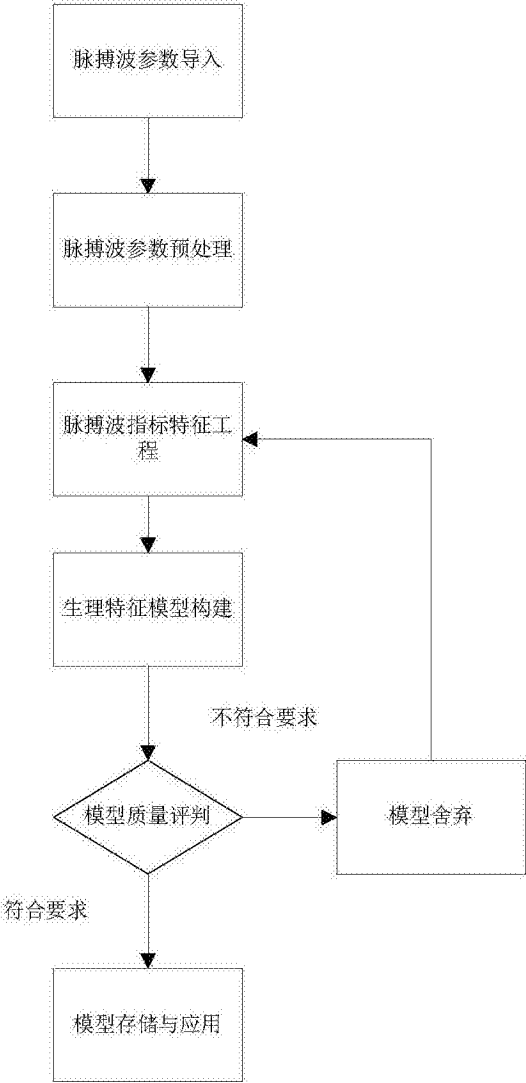


图6

专利名称(译)	基于脉搏波设计医疗产品的方法		
公开(公告)号	CN107582037A	公开(公告)日	2018-01-16
申请号	CN2017110916372.2	申请日	2017-09-30
[标]发明人	林祝发		
发明人	林祝发		
IPC分类号	A61B5/021 A61B5/00		
外部链接	Espacenet SIPO		

摘要(译)

一种基于脉搏波的医疗产品设计方法，步骤包括：1)利用脉搏波采集装置采集到脉搏波；2)设计产品的脉搏波参数计算模块，用来计算和提取脉搏波的各类特征参数；3)设计产品的数值预测模型或分类预测模型构建模块，用来基于脉搏波的各类特征参数构建模型，通过模型实现对作为目标变量的生理特征进行数值预测或分类预测，得出被测试者相应的生理状态。本发明的设计方法，能够有效地提高医疗产品的便携性、准确性，同时减少医疗产品的成本，并降低医疗产品的使用门槛。

