



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 104665840 A

(43) 申请公布日 2015. 06. 03

(21) 申请号 201510092412. 7

(22) 申请日 2015. 03. 02

(71) 申请人 桂林麦迪胜电子科技有限公司

地址 541004 广西壮族自治区桂林市七星区

六合路 123 号桂林电子科技大学科技

园 1 楼 1122、1126

(72) 发明人 陈真诚 朱健铭 梁永波 殷世民

韩国成 徐彪 张杨

(51) Int. Cl.

A61B 5/1455(2006. 01)

A61B 5/01(2006. 01)

A61B 5/00(2006. 01)

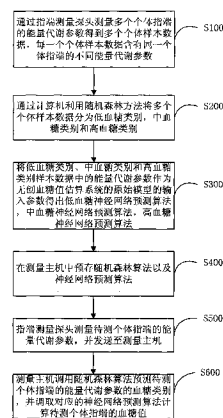
权利要求书2页 说明书10页 附图6页

(54) 发明名称

无创血糖测量方法及指端测量探头

(57) 摘要

本发明公开了一种无创血糖测量方法,应用于包括测量主机和指端测量探头的无创血糖测量仪中,包括:在测量主机中预存随机森林算法以及神经网络预测算法;指端测量探头测量待测个体指端的能量代谢参数,并发送至测量主机;测量主机调用随机森林算法预测待测个体指端的能量代谢参数的血糖类别,并调取对应的神经网络预测算法计算待测个体指端的血糖值。本发明还提供一种指端测量探头。本发明公开的无创血糖测量方法可以用于血糖的无创检测,也可以用于人体能量代谢相关参数,心血管健康参数等的无创检测。



1. 一种无创血糖测量方法,应用于包括测量主机和指端测量探头的无创血糖测量仪中,其特征在于,包括:

在测量主机中预存随机森林算法以及神经网络预测算法;

指端测量探头测量待测个体指端的能量代谢参数,并发送至测量主机;

测量主机调用随机森林算法预测待测个体指端的能量代谢参数的血糖类别,并调取对应的神经网络预测算法计算待测个体指端的血糖值。

2. 根据权利要求1所述的无创血糖测量方法,其特征在于,所述随机森林算法中预设低血糖类别,中血糖类别和高血糖类别,低血糖类别对应低血糖神经网络预测算法,中血糖类别对应中血糖神经网络预测算法,高血糖类别对应高血糖神经网络预测算法。

3. 根据权利要求2所述的无创血糖测量方法,其特征在于,所述在测量主机中预存随机森林算法以及神经网络预测算法的步骤之前包括:

通过指端测量探头测量多个个体指端的能量代谢参数得到多个个体样本数据,每一个个体样本数据含有同一个体指端的不同能量代谢参数;

通过计算机利用随机森林方法将多个个体样本数据分为低血糖类别,中血糖类别和高血糖类别;

将低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别样本数据中的能量代谢参数作为无创血糖值估算系统的原始模型的输入参数得出低血糖神经网络预测算法,中血糖神经网络预测算法,高血糖神经网络预测算法。

4. 根据权利要求3所述的无创血糖测量方法,其特征在于,所述通过计算机利用随机森林方法将多个个体样本数据分为低血糖类别,中血糖类别和高血糖类别的步骤具体包括:

从多个个体样本数据随机选取个体样本数据;

对所选取的个体样本数据进行节点分裂,构建决策树;

重复上述步骤建立多棵决策树,以生成随机森林;

对随机森林中的决策树进行投票,根据投票结果,将多个个体样本数据分为低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别。

5. 根据权利要求4所述的无创血糖测量方法,其特征在于,所述将低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别样本数据中的能量代谢参数作为无创血糖值估算系统的原始模型的输入参数得出低血糖神经网络预测算法,中血糖神经网络预测算法,高血糖神经网络预测算法的步骤具体包括:

将低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别样本数据中的能量代谢参数作为对应神经网络的输入参数;

将微创血糖值作为标定参数,并将微创血糖值标定参数作为神经网络的期望输出值,建立无创血糖值估算系统的原始模型;

针对原始模型设定样本参数数据并初始化权值和阈值,计算隐含层与输出层的输出,将每个低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别的输出层输出与微创血糖值的二次型误差准则函数作为控制函数,计算出系统对多个训练样本数据的总误差准则函数,由输出层开始逐层计算各层神经元的输出误差,然后根据误差梯度下降法来调节输出层和隐含层的权值和阈值,按调节后的权值和阈值再计算所有样本的误差,使修改后的对应神经网络的最终

输出值接近期望输出值；

当输出结果的误差在容许范围内或达到最大学习次数；则终止学习，否则继续新一轮的学习。

6. 根据权利要求 5 所述的无创血糖测量方法，其特征在于，所述原始模型的计算公式为： $Y = \text{purelin}(T * \text{tansig}(W * X + \theta_i)) + \theta_i$ ， X 为神经网络预测算法的输入参数， W 、 T 为权值，和 θ_i 、 θ_i 为阈值， Y 为对应神经网络预测算法的最终输出值。

7. 根据权利要求 6 所述的无创血糖测量方法，其特征在于，所述神经网络预测算法的计算公式为：

$$\begin{cases} Y_L = \text{purelin}(T_L * \text{tansig}(W_L * X_L + \theta_{iL})) + \theta_{iL} \\ Y_M = \text{purelin}(T_M * \text{tansig}(W_M * X_M + \theta_{iM})) + \theta_{iM} \\ Y_H = \text{purelin}(T_H * \text{tansig}(W_H * X_H + \theta_{iH})) + \theta_{iH} \end{cases}$$

其中， X_L 、 X_M 、 X_H 分别为低、中、高血糖神经网络预测算法的输入参数， W_L 、 W_M 、 W_H 、 T_L 、 T_M 、 T_H 为低、中、高血糖神经网络预测算法权值，和 θ_{iL} 、 θ_{iM} 、 θ_{iH} 、 θ_{iL} 、 θ_{iM} 、 θ_{iH} 为低、中、高血糖神经网络预测算法的阈值， Y_L 、 Y_M 、 Y_H 为低、中、高血糖神经网络预测算法的最终输出值。

8. 根据权利要求 7 所述的无创血糖测量方法，其特征在于，所述指端测量探头测量待测个体指端的能量代谢参数，并发送至测量主机的步骤包括：

指端测量探头测量待测个体指端的人体指端表面与环境的温度差 ΔT 、湿度差 ΔRH 、辐射温度差 ΔRAD 、人体指端血氧饱和度值 SpO_2 、血流速度值 Bv 、脉率值 Hr ；

指端测量探头通过 ΔT 、 ΔRH 、 ΔRAD 计算获得人体基础代谢率 BMR ；

指端测量探头将包含 ΔT 、 ΔRH 、 ΔRAD 、 BMR 的能量代谢参数发送至测量主机。

9. 根据权利要求 8 所述的无创血糖测量方法，其特征在于，所述测量主机调用随机森林算法预测待测个体指端的能量代谢参数的血糖类别，并调取对应的神经网络预测算法计算待测个体指端的血糖值的步骤包括：

调用已构建好的随机森林算法中的多棵决策树模型，判断能量代谢参数的血糖类别；

根据每一棵决策树的投票结果，依据少数服从多数原则，将个体样本数据分为低血糖类别或中血糖类别或高血糖类别；

根据分类结果调用主机中预存的对应神经网络预测算法进行计算得到待测个体指端的无创血糖值。

10. 一种指端测量探头，包括第一电路板 (10) 和第二电路板 (12)，其特征在于，还包括：温湿度传感器 (2)，设置于第二电路板 (12) 上表面，用于测量手指表面温度和湿度；

辐射温度传感器 (3)，设置于第二电路板 (12) 的下表面，用于测量手指表面辐射温度的辐射温度传感器 (3)；

环境温湿度传感器 (5)，设置于第二电路板 (12) 的下表面，用于测量环境温度和湿度；

光电接收器 (4) 设置于第二电路板 (12) 上表面，发光二极管 (8) 设置于第一电路板 (10) 上表面，发光二极管 (8) 发射出光线穿透指端后由光电接收器接收。

11. 根据权利要求 8 所述的指端测量探头，其特征在于，还包括：上夹持部分 (9)、下夹持部分 (11)，和连接扁平线 (7)，连接扁平线 (7) 连接上夹持部分 (9) 和下夹持部分 (11)。

12. 根据权利要求 9 所述的指端测量探头，其特征在于，还包括：通信线缆 (6) 穿过下夹持部分 (11) 并与第二电路板 (12) 连接。

无创血糖测量方法及指端测量探头

技术领域

[0001] 本发明属于医疗器械领域,尤其涉及一种基于人体能量代谢守恒的无创血糖测量方法及指端测量探头。

背景技术

[0002] 血糖是糖尿病检测、诊断和治疗过程中一个关键的医学指标,临床检测患者血糖浓度用以确定需要注射的胰岛素剂量,从而有效调控葡萄糖代谢,防止糖尿病病情恶化,减少并发症的发生。因此,血糖含量的检测、定量、监测是糖尿病诊断及治疗的必要手段。

[0003] 无创血糖检测技术结合了光谱分析、电渗透技术、光电检测技术、电化学技术、系统控制原理、信号处理分析等相关理论,是一门涵盖多学科知识的交叉技术。非光谱分析法无创血糖检测主要采用反离子渗透技术或者超声技术,通过体表电极采集皮下组织液样本中的葡萄糖,将其转化为血糖含量值。最早将非光谱分析方法应用于无创血糖检测的是美国 Cygnus Inc 公司,他们最早获准生产腕式无创血糖仪——Glucowatch。2006 年,刘剑等人利用反离子电渗透技术研制出无创血糖检测样机,进行了相应的动物实验研究,所做的可行性分析有一定参考价值。光谱分析法无创血糖检测通过光源发射光信号,光通过机体皮肤的角质层、表皮、真皮、皮下组织、间质液及血管,根据传感器设置位置的不同来检测反射光或者透射光强信号,将其与参考光光强比较定量得出血糖值。1990 年,美国的 Hutchinson 利用葡萄糖的偏振光旋光特性,测量出眼球房水中葡萄糖浓度,以此推导出人体血糖浓度并获得相关技术专利。1992 年,美国 Sandia 实验室与新墨西哥大学医学院组成研究组研制产生的无创血糖测量传感器于 1995 年宣布研制成功。这种方法对于不同患者或同一患者不同时刻的血糖值检测还存在着诸多未解决的问题,诸如温度影响、代谢产物浓度、其他物质的光吸收干扰等,仍然有待进一步解决。

[0004] 综上,目前对血糖的无创伤检测仍未有有效而简便的方法公开。

发明内容

[0005] 本发明的目的之一是提供一种基于人体能量代谢守恒的无创血糖测量方法及指端测量探头,以保持输入信号与测量结果间关系稳定。

[0006] 本发明提供一种无创血糖测量方法,应用于包括测量主机和指端测量探头的无创血糖测量仪中,包括:在测量主机中预存随机森林算法以及神经网络预测算法;指端测量探头测量待测个体指端的能量代谢参数,并发送至测量主机;测量主机调用随机森林算法预测待测个体指端的能量代谢参数的血糖类别,并调取对应的神经网络预测算法计算待测个体指端的血糖值。

[0007] 进一步的,所述随机森林算法中预设低血糖类别,中血糖类别和高血糖类别,低血糖类别对应低血糖神经网络预测算法,中血糖类别对应中血糖神经网络预测算法,高血糖类别对应高血糖神经网络预测算法。

[0008] 进一步的,所述在测量主机中预存随机森林算法以及神经网络预测算法的步骤之

前包括：通过指端测量探头测量多个个体指端的能量代谢参数得到多个个体样本数据，每一个个体样本数据含有同一个体指端的不同能量代谢参数；通过计算机利用随机森林方法将多个个体样本数据分为低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别；将低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别样本数据中的能量代谢参数作为无创血糖值估算系统的原始模型的输入参数得出低血糖神经网络预测算法，中血糖神经网络预测算法，高血糖神经网络预测算法。

[0009] 进一步的，所述通过计算机利用随机森林方法将多个个体样本数据分为低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别的步骤具体包括：从多个个体样本数据随机选取个体样本数据；对所选取的个体样本数据进行节点分裂，构建决策树；重复上述步骤建立多棵决策树，以生成随机森林；对随机森林中的决策树进行投票，根据投票结果，将多个个体样本数据分为低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别。

[0010] 进一步的，所述将低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别样本数据中的能量代谢参数作为无创血糖值估算系统的原始模型的输入参数得出低血糖神经网络预测算法，中血糖神经网络预测算法，高血糖神经网络预测算法的步骤包括：将低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别样本数据中的能量代谢参数作为对应神经网络的输入参数；将微创血糖值作为标定参数，并将微创血糖值标定参数作为神经网络的期望输出值，建立无创血糖值估算系统的原始模型；针对原始模型设定样本参数数据并初始化权值和阈值，计算隐含层与输出层的输出，将每个低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别的输出层输出与微创血糖值的二次型误差准则函数作为控制函数，计算出系统对多个训练样本数据的总误差准则函数，由输出层开始逐层计算各层神经元的输出误差，然后根据误差梯度下降法来调节输出层和隐含层的权值和阈值，按调节后的权值和阈值再计算所有样本的误差，使修改后的对应神经网络的最终输出值接近期望输出值；当输出结果的误差在容许范围内或达到最大学习次数；则终止学习，否则继续新一轮的学习。

[0011] 进一步的，所述原始模型的计算公式为： $Y = \text{purelin}(T * \text{tansig}(W * X + \theta_1)) + \theta_1$ ， X 为神经网络预测算法的输入参数， W 、 T 为权值，和 θ_1 、 θ_1 为阈值， Y 为对应神经网络预测算法的最终输出值。

[0012] 进一步的，所述神经网络预测算法的计算公式为：

$$[0013] \quad \begin{cases} Y_L = \text{purelin}(T_L * \text{tansig}(W_L * X_L + \theta_{iL})) + \theta_{iL} \\ Y_M = \text{purelin}(T_M * \text{tansig}(W_M * X_M + \theta_{iM})) + \theta_{iM} \\ Y_H = \text{purelin}(T_H * \text{tansig}(W_H * X_H + \theta_{iH})) + \theta_{iH} \end{cases}$$

[0014] 其中， X_L 、 X_M 、 X_H 分别为低、中、高血糖神经网络预测算法的输入参数， W_L 、 W_M 、 W_H 、 T_L 、 T_M 、 T_H 为低、中、高血糖神经网络预测算法权值，和 θ_{iL} 、 θ_{iM} 、 θ_{iH} 、 θ_{iL} 、 θ_{iM} 、 θ_{iH} 为低、中、高血糖神经网络预测算法的阈值， Y_L 、 Y_M 、 Y_H 为低、中、高血糖神经网络预测算法的最终输出值。

[0015] 进一步的，所述指端测量探头测量待测个体指端的能量代谢参数，并发送至测量主机的步骤包括：指端测量探头测量待测个体指端的人体指端表面与环境的温度差 ΔT 、湿度差 ΔRH 、辐射温度差 ΔRAD 、人体指端血氧饱和度值 Spo2 、血流速度值 Bv 、脉率值 Hr ；指端测量探头通过 ΔT 、 ΔRH 、 ΔRAD 计算获得人体基础代谢率 BMR ；指端测量探头将包含 ΔT 、 ΔRH 、 ΔRAD 、 BMR 的能量代谢参数发送至测量主机。

[0016] 进一步的，所述测量主机调用随机森林算法预测待测个体指端的能量代谢参数的血糖类别，并调取对应的神经网络预测算法计算待测个体指端的血糖值的步骤包括：调用

已构建好的随机森林算法中的多棵决策树模型,判断能量代谢参数的血糖类别;根据每一棵决策树的投票结果,依据少数服从多数原则,将个体样本数据分为低血糖类别或中血糖类别或高血糖类别;根据分类结果调用主机中预存的对应神经网络预测算法进行计算得到待测个体指端的无创血糖值。

[0017] 本发明还提供一种指端测量探头,包括第一电路板和第二电路板,温湿度传感器,设置于第二电路板上表面,用于测量手指表面温度和湿度;辐射温度传感器,设置于第二电路板的下表面,用于测量手指表面辐射温度的辐射温度传感器;环境温湿度传感器,设置于第二电路板的下表面,用于测量环境温度和湿度;光电接收器设置于第二电路板上表面,发光二极管设置于第一电路板上表面,发光二极管发射出光线穿透指端后由光电接收器接收。

[0018] 进一步的,所述的指端测量探头,还包括:上夹持部分、下夹持部分,和连接扁平线,连接扁平线连接上夹持部分和下夹持部分。

[0019] 进一步的,所述的指端测量探头,还包括:通信线缆穿过下夹持部分并与第二电路板连接。

[0020] 本发明提供的无创血糖测量方法及指端测量探头,也可以用于人体能量代谢相关参数,心血管健康参数等的无创检测,且可以保持输入信号与测量结果间关系稳定。

附图说明

[0021] 图 1 所示为本发明无创血糖测量方法的流程图。

[0022] 图 2 所示为步骤 S200 的具体流程图。

[0023] 图 3 所示为步骤 S300 的具体流程图。

[0024] 图 4 所示为步骤 S500 的具体流程图。

[0025] 图 5 为决策树投票过程的示意图。

[0026] 图 6 所示为本发明神经网络预测算法的拓扑结构图。

[0027] 图 7 所示为血红蛋白的吸光度特性图。

[0028] 图 8 所示为检测流程图。

[0029] 图 9 所示为本发明指端测量探头的结构图。

具体实施方式

[0030] 下文将结合具体附图详细描述本发明具体实施例。应当注意的是,下述实施例中描述的技术特征或者技术特征的组合不应当被认为是孤立的,它们可以被相互组合从而达到更好的技术效果。在下述实施例的附图中,各附图所出现的相同标号代表相同的特征或者部件,可应用于不同实施例中。

[0031] 图 1 所示为本发明无创血糖测量方法的流程图。

[0032] 本发明无创血糖测量方法,应用于包括测量主机和指端测量探头的无创血糖测量仪中,包括步骤 S100、步骤 S200、步骤 S300、步骤 S400、步骤 S500 和步骤 S600,下边将对每个步骤进行详细描述:

[0033] 步骤 S100,通过指端测量探头测量多个个体指端的能量代谢参数得到多个个体样本数据,每一个个体样本数据含有同一个体指端的不同能量代谢参数;

[0034] 步骤 S200,通过计算机利用随机森林方法将多个个体样本数据分为低血糖类别,中血糖类别和高血糖类别。

[0035] 图 2 所示为步骤 S200 的具体流程图。

[0036] 步骤 S200 具体包括：

[0037] 步骤 S201,从多个个体样本数据随机选取个体样本数据；

[0038] 步骤 S202,对所选取的个体样本数据进行节点分裂,构建决策树；

[0039] 步骤 S203,重复上述步骤建立多棵决策树,以生成随机森林；

[0040] 步骤 S204,对随机森林中的决策树进行投票,根据投票结果,将多个个体样本数据分为低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别。

[0041] 步骤 S300,将低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别样本数据中的能量代谢参数作为无创血糖值估算系统的原始模型的输入参数得出低血糖神经网络预测算法,中血糖神经网络预测算法,高血糖神经网络预测算法。

[0042] 在本实施中,每棵决策树的分支的生成,都是按照分裂算法选择属性,该分裂算法可以是 CLS 算法, C4.5 算法,或者 CART 算法。当使用时 CART 算法时,可使用 Gini 指标选择分裂属性,度量数据划分。使用 Gini 指标选择的属性比较均匀,不会产生偏向性问题,更加适合属性参数复杂多变的样本集。

[0043] 图 3 所示为步骤 S300 的具体流程图。

[0044] 步骤 S300 具体包括：

[0045] 步骤 S301,将低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别样本数据中的能量代谢参数作为对应神经网络的输入参数；

[0046] 步骤 S302,将微创血糖值作为标定参数,并将微创血糖值标定参数作为神经网络的期望输出值,建立无创血糖值估算系统的原始模型；在本实施例,原始模型为的计算公式为 $Y = \text{purelin}(T * \text{tansig}(W * X + \theta_1)) + \theta_1$,其中, X 为神经网络预测算法的输入参数, W 、 T 为权值,和 θ_1 、 θ_1 为阈值, Y 为对应神经网络预测算法的最终输出值。

[0047] 步骤 S303,针对原始模型设定样本参数数据并初始化权值和阈值,计算隐含层与输出层的输出,将每个低血糖类别、中血糖类别和高血糖类别的输出层输出与微创血糖值的二次型误差准则函数作为控制函数,计算出系统对多个训练样本数据的总误差准则函数,由输出层开始逐层计算各层神经元的输出误差,然后根据误差梯度下降法来调节输出层和隐含层的权值和阈值,按调节后的权值和阈值再计算所有样本的误差,使修改后的对应神经网络的最终输出值接近期望输出值；

[0048] 步骤 S304,当输出结果的误差在容许范围内或达到最大学习次数；则终止学习,否则继续新一轮的学习。

[0049] 步骤 S301 至步骤 S304 执行完毕之后得出如下神经网络预测算法的计算公式：

$$[0050] \quad \begin{cases} Y_L = \text{purelin}(T_L * \text{tansig}(W_L * X_L + \theta_{iL})) + \theta_{iL} \\ Y_M = \text{purelin}(T_M * \text{tansig}(W_M * X_M + \theta_{iM})) + \theta_{iM} \\ Y_H = \text{purelin}(T_H * \text{tansig}(W_H * X_H + \theta_{iH})) + \theta_{iH} \end{cases}$$

[0051] 其中, X_L 、 X_M 、 X_H 分别为低、中、高血糖神经网络预测算法的输入参数, W_L 、 W_M 、 W_H 、 T_L 、 T_M 、 T_H 为低、中、高血糖神经网络预测算法权值,和 θ_{iL} 、 θ_{iM} 、 θ_{iH} 、 θ_{iL} 、 θ_{iM} 、 θ_{iH} 为低、中、高

血糖神经网络预测算法的阈值, Y_L 、 Y_M 、 Y_H 为低、中、高血糖神经网络预测算法的最终输出值。

[0052] 步骤 S400, 在测量主机中预存随机森林算法以及神经网络预测算法;

[0053] 在本实施例中, 随机森林算法中预设低血糖类别, 中血糖类别和高血糖类别, 低血糖类别对应低血糖神经网络预测算法, 中血糖类别对应中血糖神经网络预测算法, 高血糖类别对应高血糖神经网络预测算法。

[0054] 步骤 S500, 指端测量探头测量待测个体指端的能量代谢参数, 并发送至测量主机;

[0055] 图 4 所示为步骤 S500 的具体流程图。

[0056] 步骤 S500 具体包括:

[0057] 步骤 S501, 指端测量探头测量待测个体指端的人体指端表面与环境的温度差 ΔT 、湿度差 ΔRH 、辐射温度差 ΔRAD 、人体指端血氧饱和度值 SpO_2 、血流速度值 Bv 、脉率值 Hr ;

[0058] 步骤 S502, 指端测量探头通过 ΔT 、 ΔRH 、 ΔRAD 计算获得人体基础代谢率 BMR ;

[0059] 步骤 S503, 指端测量探头将包含 ΔT 、 ΔRH 、 ΔRAD 、 BMR 的能量代谢参数发送至测量主机。

[0060] 步骤 S600, 测量主机调用随机森林算法预测待测个体指端的能量代谢参数的血糖类别, 并调取对应的神经网络预测算法计算待测个体指端的血糖值。

[0061] 在本实施中, 算法最终的输出结果采取决策树最终大多数投票法实现。根据随机构建的 N 棵决策子树对某测试样本进行分类, 将每棵子树的结果汇总, 遵循少数服从多数法, 所得票数最多的分类结果, 将作为算法最终的输出结果。以完成对所述个体血糖值的分类。

[0062] 在本发明中, 由于血糖调节过程的复杂性, 尤其是低血糖值人群、中血糖值人群、高血糖值人群的生理信息的差异性, 通过实验, 决定使用随机森林方法对不同人群的血糖进行分类。该方法简单地说, 就是用随机的方式建立一个森林, 森林由很多的决策树组成, 随机森林的每一棵决策树之间是没有关联的。在得到森林之后, 当有一个新的输入样本进入的时候, 就让森林中的每一棵决策树分别进行判断, 判断这个样本应该属于哪一类, 然后判断哪一类被选择最多, 即预测这个样本为哪一类。随机森林算法主要包括决策树的生长和投票过程。

[0063] 首先, 需要构建决策树:

[0064] 要构建 N 棵决策树, 就需要产生对应数量的训练集, 从原始训练集中产生 N 个训练子集就涉及到有放回抽样技术 (bagging 抽样技术)。这样做的目的是为了森林中的决策树不至于产生局部最优解。生成 N 棵决策树从而形成“森林”。每棵决策树任其生长, 不需要剪枝处理。每棵树的分支的生成, 都是按照某种分裂规则选择属性。节点分裂规则的计算指标也不尽相同。

[0065] 本发明中, 可以采用的分裂规则是 CLS (Concept Learning System) 算法, C4.5 算法, CART (Classification And Regression Tree) 算法。

[0066] CLS 算法是早期决策树生成算法, 在 CLS 算法中, 节点分裂过程是随机的。首先, 从数据集所有的属性中随机选择一个属性作为根节点, 然后从这个属性出发, 开始分裂。分裂的过程根据属性的取值进行, 有多少个属性的值域, 就对应多少个分支。直到产生叶子结点

时算法才终止执行。叶子结点的产生的规则是：当前的数据集是空的，或者是这个数据集中所有的样本都属于同一个类别。

[0067] C4.5 算法的基础是 ID3 算法。ID3 算法选择属性时都遵守一个固定的规则，这个规则就是通过引入信息熵对属性进行比较，通过比较信息熵的大小，来决定哪个属性作为分裂节点。该算法由信息熵的计算出发，计算每个属性的信息增益率。

[0068] 信息增益的计算过程如下：

[0069] ①计算节点的信息熵

$$[0070] \quad Info(D) = -\sum_{i=1}^m P_i \log_2 P_i$$

[0071] ②基于按 A 划分对 D 的样本分类所需要的期望信息，其公式如下：

$$[0072] \quad Info_A(D) = \sum_{j=1}^v \left[\left(\frac{|D_j|}{|D|} \right) * Info(D_j) \right]$$

[0073] ③由以上两个公式可得到信息增益，定义式为：

$$[0074] \quad Gain(A) = Info(D) - Info_A(D)$$

[0075] Gain(A) 表示 A 的值而导致的信息需求的期望减少，即信息增益。

[0076] ④信息增益率的计算过程如下：

$$[0077] \quad SplitInfo_A(D) = -\sum_{j=1}^v \left[\left(\frac{|D_j|}{|D|} \right) * \log_2 \left(\frac{|D_j|}{|D|} \right) \right]$$

[0078] 其中 v 为属性 A 的取值个数。

[0079] 信息增益率的计算公式为：

$$[0080] \quad GainRatio(A) = \frac{Gain(A)}{SplitInfo_A(D)}$$

[0081] 然后使用信息增益的大小来比较选择哪个属性进行节点的分裂。如果最大的属性作为节点分裂属性。

[0082] CART 算法将分裂属性的取值划分为两个子集，然后从这两个子集出发，计算由训练集决定的 Gini 指标，然后采用二分递归的方式，将当前训练集分成两个子集，从而产生左右两个分枝的子树。当节点发生分裂时，该算法使用 Gini 指标来度量数据划分。

[0083] (1) 计算样本的 Gini 系数

$$[0084] \quad Gini(S) = 1 - \sum_{i=1}^m P_i^2$$

[0085] 其中 P_i 代表类别 C_j 在样本集 S 中出现的概率。

[0086] (2) 计算每个划分的 Gini 系数

[0087] 如果 S 被分隔成两个子集 S_1 和 S_2 ，则此次划分的 Gini 系数为

$$[0088] \quad Gini_{split}(s) = \frac{|S_1|}{|S|} Gini(S_1) + \frac{|S_2|}{|S|} Gini(S_2)$$

[0089] 然后选择分割具有最小 $gini_{split}(S)$ 的分割方式时对应的属性作为节点分裂属性。

[0090] 2.2 随机特征变量的随机选取

[0091] 由于随机森林在进行节点分裂时,不是所有的属性都参与属性指标的计算,而是随机地选择某几个属性参与比较,参与的属性就称之为随机特征变量。

[0092] 2.3 森林的形成及算法的执行

[0093] 重复上述两个步骤建立大量的决策树,就生成了随机森林,算法最终的输出结果采取大多数投票法实现。

[0094] 图 5 为决策树投票过程的示意图。

[0095] 本发明中,决策树投票公式为:

$$[0096] \quad C_p = \arg \max_c \left(\frac{1}{n_{tree}} \sum_{i=1}^{n_{tree}} I\left(\frac{n_{n_{i,c}}}{n_{h_i}}\right) \right)$$

[0097] 注:nc 为类别的总个数;

[0098] 本实施例中,利用随机森林方法对个体血糖值进行分类的有益效果在于:

[0099] (1) 通过组合的思想生成了高精度的分类器。

[0100] (2) 方便快捷的处理大量的输入变量。

[0101] (3) 可以对数据集特征的特征重要性进行评估,完成特征选择。

[0102] (4) 在评估特征重要性的同时,它也提供了一种测试特征之间相关性的方法。

[0103] (5) 对于不平衡的分类问题,可以做到很好的平衡误差。

[0104] (6) 在构建随机森林时产生的 OOB 数据,用 OOB 误差可以很好做分类器误差的无偏估计。

[0105] (7) 随机森林的结构便于实现并行计算学习时间非常迅速。

[0106] (8) 可以很好的容忍异常和噪声的干扰,有效的抑制分类器的过拟合问题。

[0107] 因此,本发明实施例利用随机森林非常好的非线性建模算法,实现人体生理研究领域复杂的参数计算,相对于支持向量机,K 均值聚类,决策树,叶贝斯分类等其他分类算法更适合无创血糖测量参数的分类。

[0108] 具体而言,本发明实施例的神经网络为反向传播网络,图 6 所示为本发明神经网络预测算法的拓扑结构图。

[0109] 由于反向传播神经网络最重要的一个应用就是函数逼近,其核心就是误差反向传播来修正各个节点的权值和阈值,使得误差函数沿负梯度方向下降,反向传播神经网络包括三层节点分别为输入节点、隐节点和输出节点,首先编写一个级联前向反向传播网络函数,将无创血糖特征值以及微创血糖值作为输入,测量真实值作为输出进行训练。随机选定训练和预测数据,随机确定初始权矩阵 $W(0)$,经反向修正后,直到用完所有学习数据。由于神经网络训练函数具有随机性,每一次训练出来的正确率都不相同,使用编写的预测函数进行仿真,用仿真值与真值的绝对误差作为条件,使用 while 语句对数据循环训练得出正确率最高的那个网络,训练出来的网络包括权值与偏移量,隐藏层的权重乘以输入,然后加上隐藏层的偏移,然后应用隐藏层传输函数,得到的结果为输出层输入,同理,输出层的权重乘以输出层的输入,然后加上输出层的偏移,然后再应用输出层的传输函数,得到输出,训练出来的值正确率大大提高。

[0110] 隐含层节点:

[0111]

$$\begin{cases} \text{误差公式 } \delta_i = f_i(\text{net}_i) * \sum_l \delta_l T_{li} \\ \text{权值修正 } w^{(p)}(i, j) = w^{(p-1)}(i, j) + \eta \delta_i x(j) \\ \text{阈值修正 } \theta_i^{(p)} = \theta_i^{(p-1)} + \eta \delta_i \end{cases}$$

[0112] 式中 x_j 输入节点输入

[0113] 输出层节点：

[0114]

$$\begin{cases} \text{误差公式 } \delta_l = (t_l - o_l) * f'(\text{net}_l) \\ \text{权值修正 } T^{(p)}(l, i) = T^{(p-1)}(l, i) + \eta \delta_l y(j) \\ \text{阈值修正 } \theta_i^{(p)} = \theta_i^{(p-1)} + \eta \delta_i \end{cases}$$

[0115] 式中 $y_i = f(\sum_j w_{ij} x_j - \theta_i)$ 隐节点输出, $o_l = f(\sum_i T_{li} y_i - \theta_l)$ 输出节点输出, $\text{net}_i = \sum_j W(i, j) * x_j - \theta_i$, $\text{net}_l = \sum_j T(l, i) * y_i - \theta_l$, W 为隐节点权值数组, θ_i 是隐节点阈值误差, T 为输出节点权值数组, θ_l 是输出节点阈值误差。 θ_i 中的 $\sum_l \delta_l T_{li}$ 表示输出层节点 l 的误差 δ_l 通过权值 T_{li} 向隐节点 i 反向传播得到的。

[0116] 神经网络输入数组为 X , 最后求得隐含层权值数组为 W , 偏移量数组为 θ_i , 输出层权值数组为 T , 偏移量数组为 θ_l , 最终得到三类血糖值的结果为：

$$[0117] \begin{cases} Y_L = \text{purelin}(T_L * \text{tansig}(W_L * X_L + \theta_{iL})) + \theta_{lL} \\ Y_M = \text{purelin}(T_M * \text{tansig}(W_M * X_M + \theta_{iM})) + \theta_{lM} \\ Y_H = \text{purelin}(T_H * \text{tansig}(W_H * X_H + \theta_{iH})) + \theta_{lH} \end{cases}$$

[0118] 本发明的血红蛋白含量测量原理为：

[0119] 人体组织对近红外光的吸收程度存在差异, 人体氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白在 660nm 和 940nm 的吸收差最大, 在 805nm 处是氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白吸光度相同处, 在 730nm 处是脱氧血红蛋白吸收较低处, 这两个波长处也最能体现氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白的特点, 然后根据朗伯-比尔定律 $A = \lg(I_0/I_t) + \lambda = \lg(1/T) + \lambda = k \times l \times c + \lambda$, 故选择 660nm、730nm、805nm 和 940nm 的近红外光为检测波长。朗伯-比尔定律的物理意义：当一束平行单色光垂直通过某一均匀非散射的吸光物质时, 其吸光度 A 与吸光物质的浓度 c 及吸收层厚度 d 成正比。然而现在用来测量氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白的含量却是测量手指, 手指中并非均匀非散射的吸光物质, 故需要修正。需要在上述公式中加上一个常数 $A = \lg(I_0/I_t) + \lambda = \lg(1/T) + \lambda = k \times l \times c + \lambda$ 。其中, A 为吸光度, I_0 为入射光强, I_t 为透射光强, T 为透射比 (透光度), k 为吸光系数, l 为介质厚度, c 为吸光物质浓度, λ 为修正常数。

[0120] 图 7 所示为血红蛋白的吸光度特性图。

[0121] 实线为血红蛋白吸收系数曲线, 点划线为氧合血红蛋白吸收系数曲线。

[0122] 根据公式 $A = k \times l \times c + \lambda$, 得到四个不同的方程:

$$[0123] \quad A^{660} = k_{Hbo_2}^{660} \times c_{Hbo_2} \times l + k_{Hb}^{660} \times c_{Hb} \times l + \lambda$$

$$[0124] \quad A^{940} = k_{Hbo_2}^{940} \times c_{Hbo_2} \times l + k_{Hb}^{940} \times c_{Hb} \times l + \lambda$$

$$[0125] \quad A^{730} = k_{Hbo_2}^{730} \times c_{Hbo_2} \times l + k_{Hb}^{730} \times c_{Hb} \times l + \lambda$$

$$[0126] \quad A^{805} = k_{Hbo_2}^{805} \times c_{Hbo_2} \times l + k_{Hb}^{805} \times c_{Hb} \times l + \lambda$$

[0127] 图 8 所示为检测流程图。

[0128] 光电 LED 探头是一个含四个波长 (660nm, 730nm, 805nm, 940nm) 的发光二极管 8 和一个光电接收器 4。光电接收器 4 的接收范围在此四个波长的范围之内, 且四个波长均处于光电接收器 4 转换效率线性度很好的波段。测量时, 人机接口电路 806 接收到操作者指令后, 通过进行 DSP807 产生时序经由驱动电路 805 控制发光二极管 8 交替发光, 照射手指 1, 光电接收器 4 接收透过手指 1 的透射光, 并通过滤波放大调理电路 804 将光信号转换为电流信号。

[0129] 本发明提供的基于人体能量代谢守恒的无创血糖测量装置, 包括顺序连接的指端测量探头, 专用通信线缆, 主系统仪器及配套手机端健康管理软件。其中, 指端测量探头可同时获取环境温湿度、手指表面温湿度、环境与手指辐射温度、人体基础代谢率、血氧饱和度、血流速度、血红蛋白、心率等参数, 经主系统仪器分析处理, 获得血糖值, 可同时于仪器液晶面板及手机健康管理软件同步显示, 其中手机健康管理软件同时还具有对不同个体数据的分类、绘图、提醒等功能, 以使用户更全面了解在一段时间内的血糖变化情况。

[0130] 无创血糖测量仪器中手机端健康管理软件, 配合仪器完成整个检测过程, 并通过手机端健康管理软件实现对不同用户历史数据的分析和功能, 每一个用户的历史血糖、血流、血压等历史数据会以图表形式, 动态呈现给用户, 用以使用户了解一段时间内健康状况的变化。

[0131] 高精度传感部分的供电及信息传输通过定制线缆实现, 主机中配备了 2800mAh 高强度聚合物锂电池, 待机状态续航能力可超过 10 天, 连续检测时间超过 8 小时, 完全满足用户的日常使用。主机除配备血糖的无创检测功能外, 同时具有历史检测数据的浏览, 并具有海量存储能力, 为计算机和手机端健康管理软件的日常血糖及心血管数据管理, 提供了数据来源。数据传输可通过 USB 和蓝牙方式分别向计算机和手机端健康管理软件传输。

[0132] 图 9 所示为本发明指端测量探头的结构图。

[0133] 本发明的指端测量探头, 包括: 手指表面温湿度传感器 2、上夹持部分 9、下夹持部分 11、辐射温度传感器 3、光电接收器 4、环境温湿度传感器 5、通信线缆 6、连接扁平线 7、发光二极管 8、上夹持部分 9、第一电路板 10、下夹持部分 11 和第二电路板 12。

[0134] 上夹持部分 9 和下夹持部分 11 配合将手指 1 夹持稳固。温湿度传感器 2, 设置于第二电路板 12 上表面, 用于测量手指表面温度和湿度; 辐射温度传感器 3, 设置于第二电路板 12 的下表面, 用于测量手指表面辐射温度的辐射温度传感器 3; 环境温湿度传感器 5, 设置于第二电路板 12 的下表面, 用于测量环境温度和湿度; 光电接收器 4 设置于第二电路板 12 上表面, 发光二极管 8 设置于第一电路板 10 上表面, 发光二极管 8 发射出光线穿透指端后由光电接收器接收。连接扁平线 7 连接上夹持部分 9 和下夹持部分 11。通信线缆 6 穿过

下夹持部分 11 并与第二电路板 12 连接。

[0135] 与现有技术相比,本发明无创血糖测量装置外形小巧,操作简便,并且可实现无创伤检测血糖及多个人体生理参数,减轻了病患者病痛之外的伤害和诊断检测时的心理负担。

[0136] 由于对人体手指端能量信息的高精度要求,整个传感器部分采用带有沟槽的上下夹持部分,沟槽上下表面均覆盖一层隔热硅胶,以降低手指在沟槽中因外部原因导致热量非正常散失,传感器内部亦采用空间立体结构,以达到环境温湿度传感器更少受到手指能量的影响,手指温湿度传感器更快速准确反映手指表面温湿度信息,辐射温度传感器能正常感应环境辐射来及手指辐射来的热量。通过传感器获取的人体基本生理参数信息包括环境温度,环境湿度,手指表面温度,手指表面湿度,环境辐射温度,手指辐射温度,人体基础代谢率,血氧饱和度,血流速度,心率等参数。

[0137] 本发明公开的无创血糖测量方法可以用于血糖的无创检测,也可以用于人体能量代谢相关参数,心血管健康参数等的无创检测。

[0138] 本文虽然已经给出了本发明的一些实施例,但是本领域的技术人员应当理解,在不脱离本发明精神的情况下,可以对本文的实施例进行改变。上述实施例只是示例性的,不应以本文的实施例作为本发明权利范围的限定。

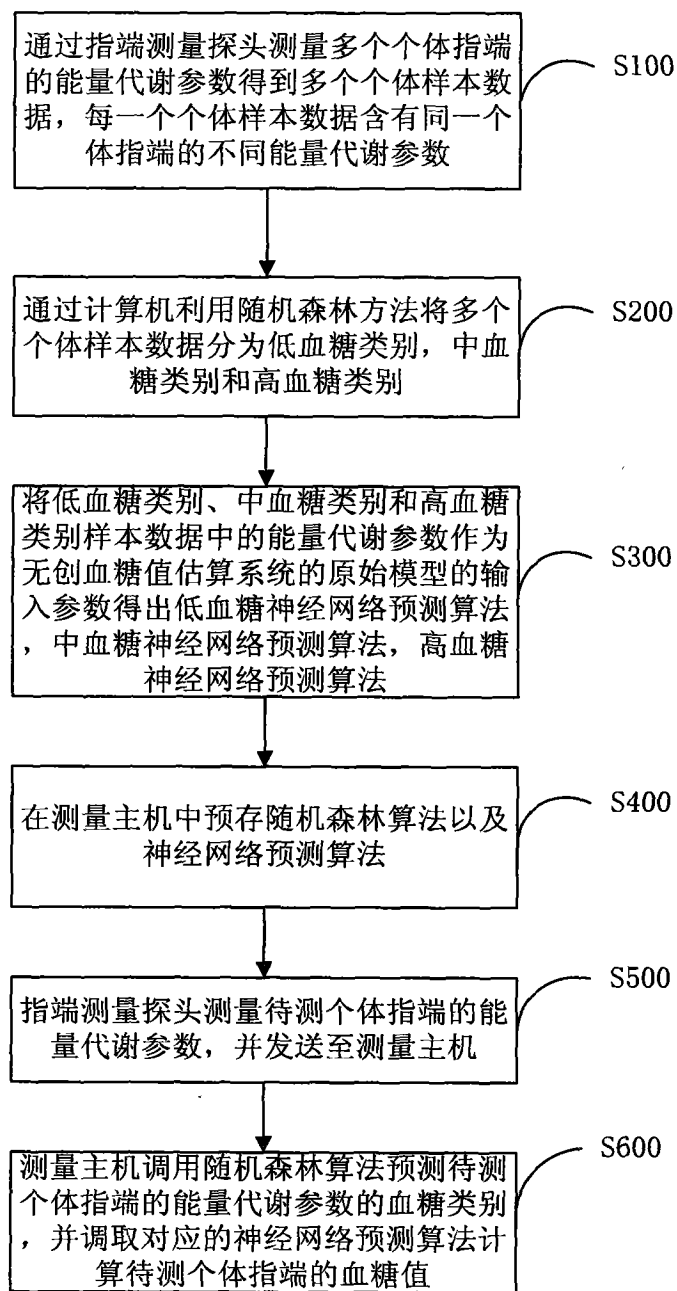


图 1

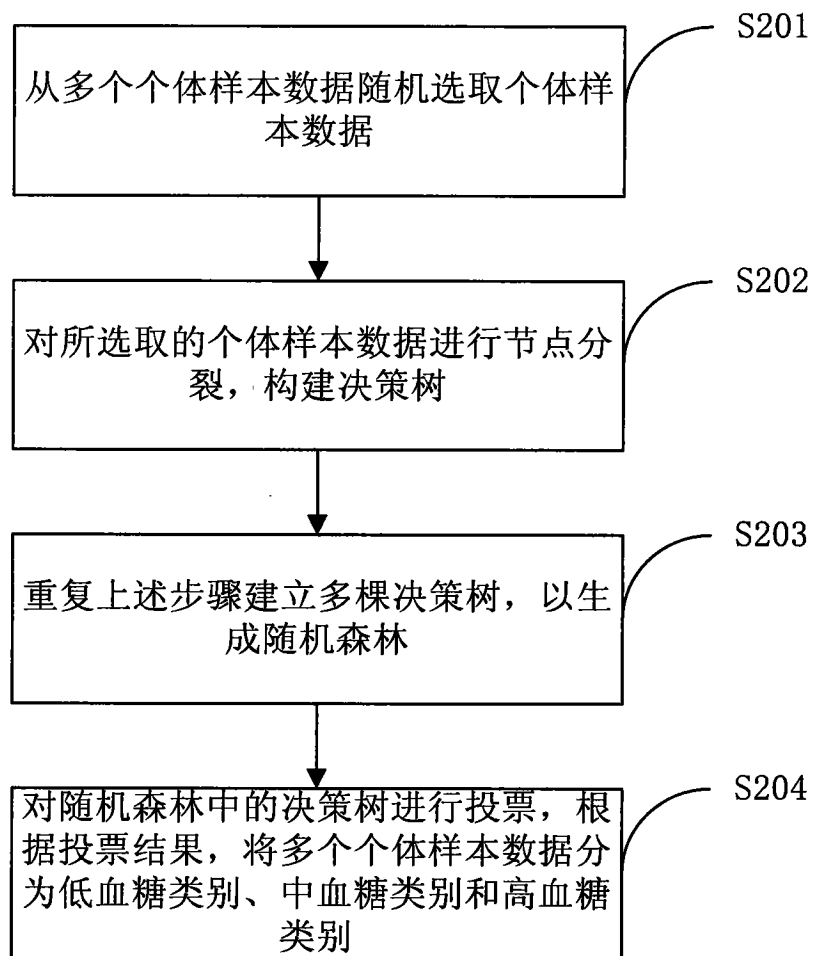


图 2

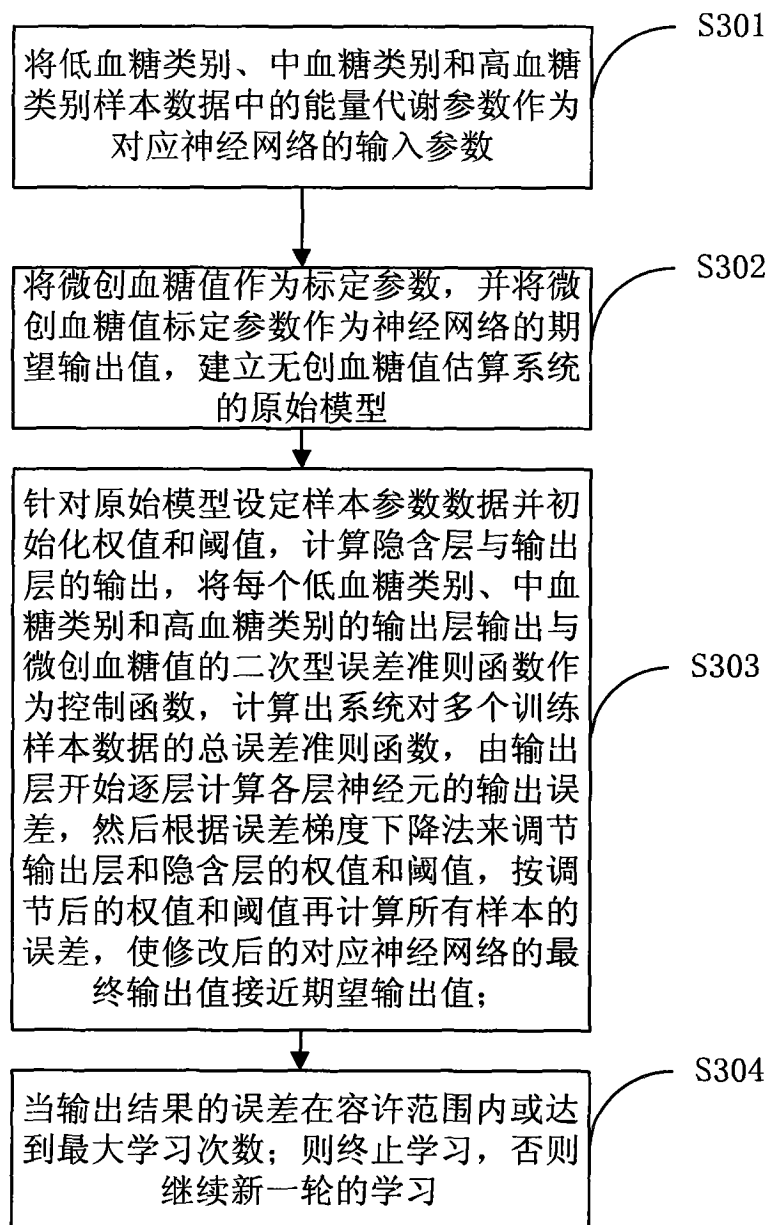


图 3

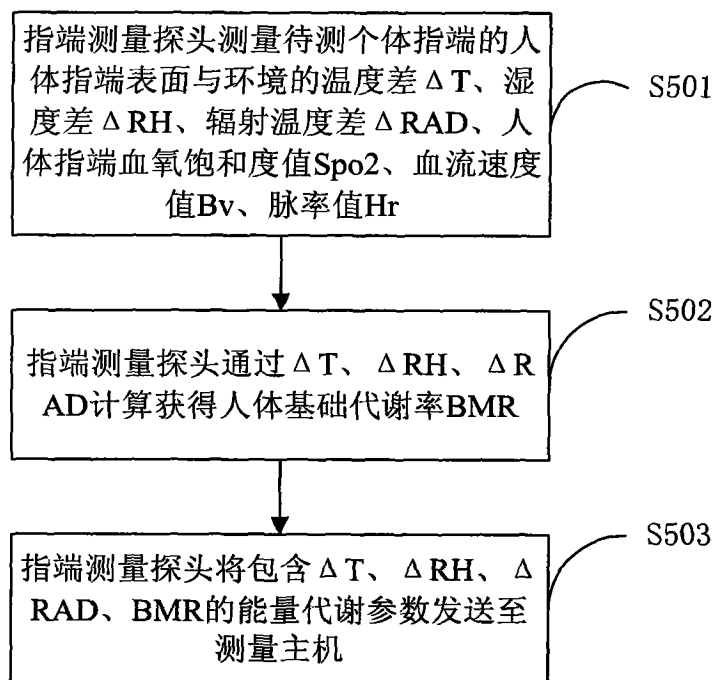


图 4

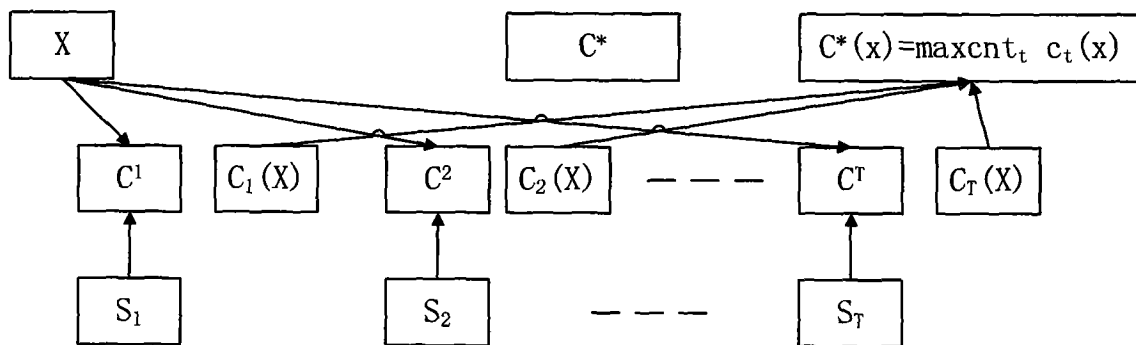


图 5

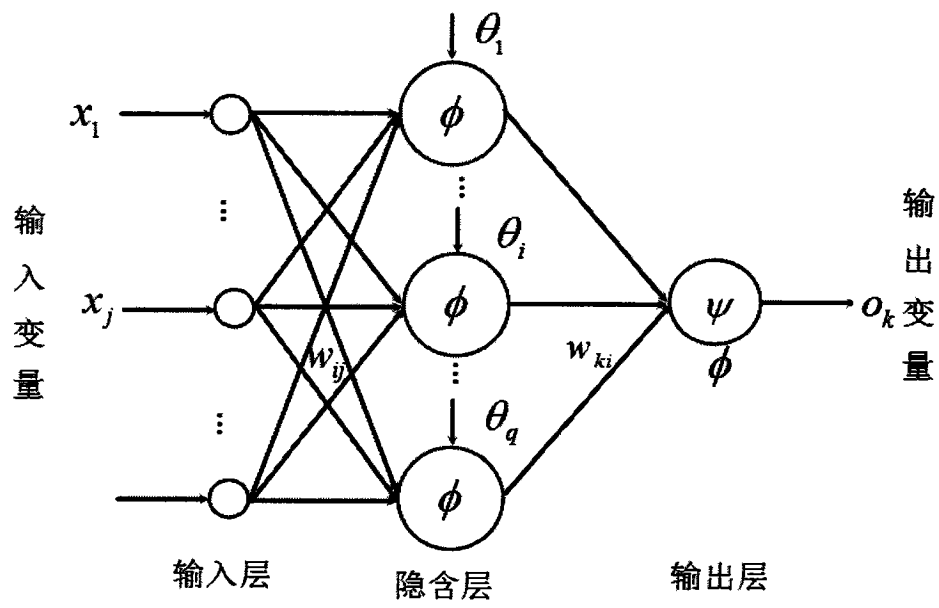


图 6

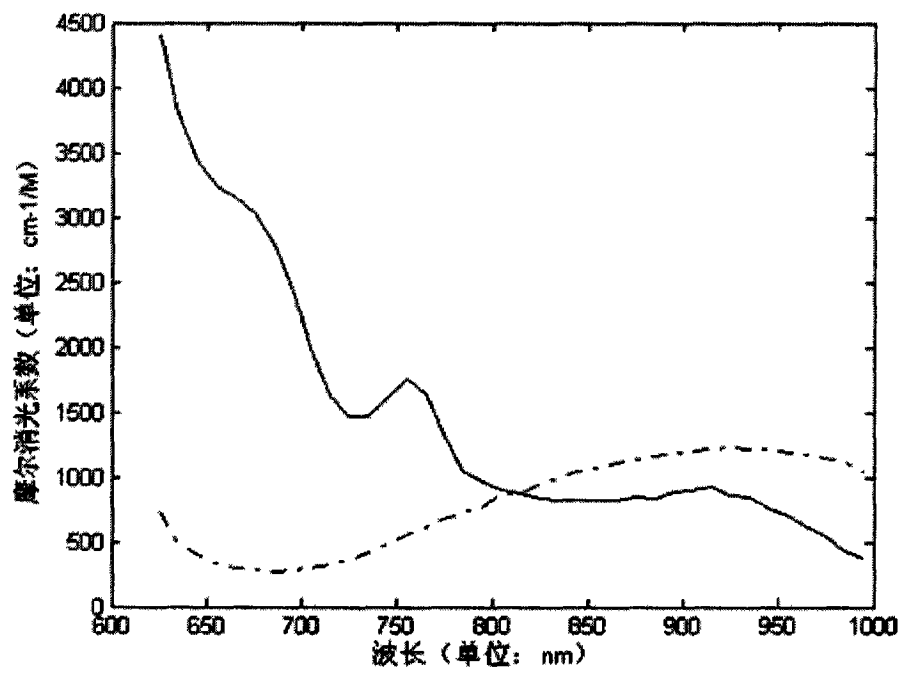


图 7

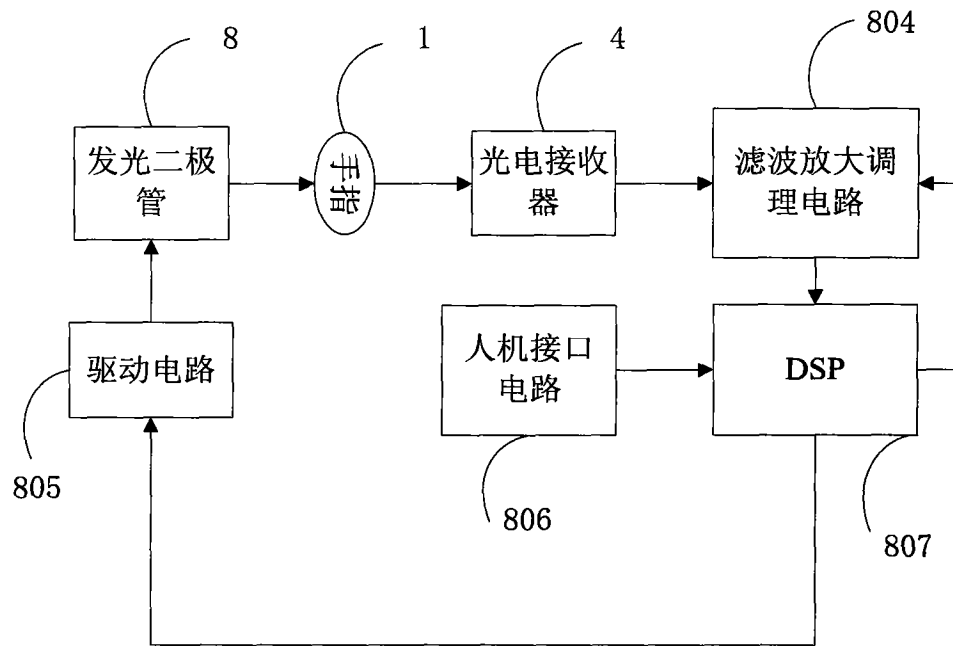


图 8

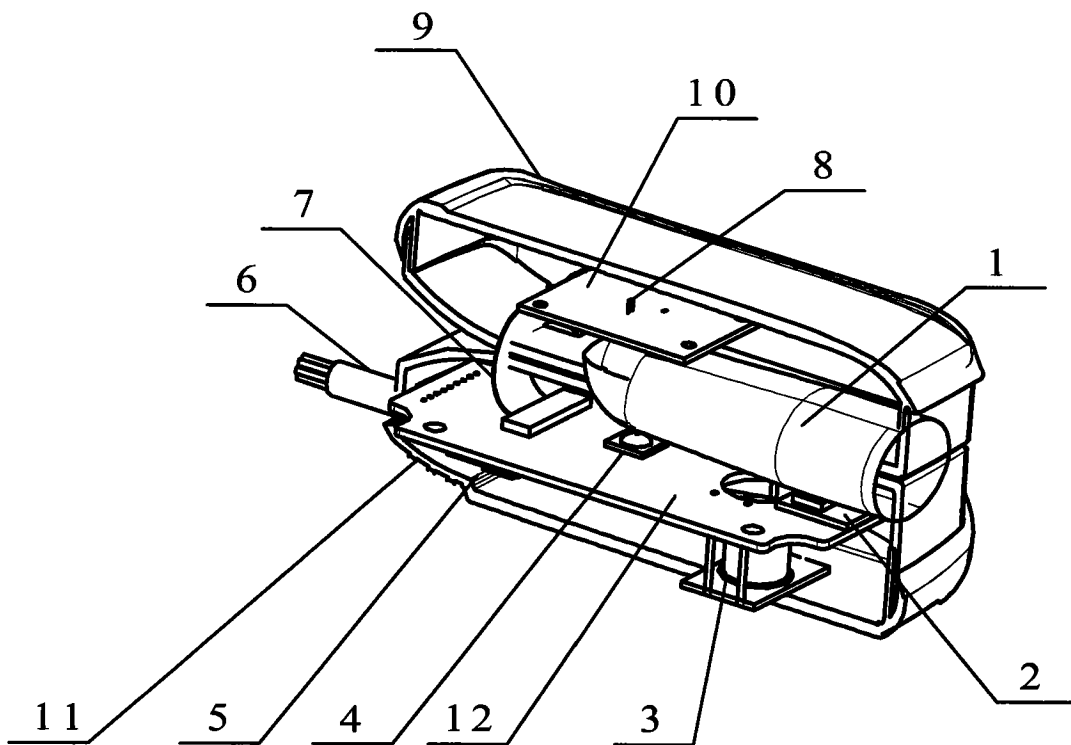


图 9

专利名称(译)	无创血糖测量方法及指端测量探头		
公开(公告)号	CN104665840A	公开(公告)日	2015-06-03
申请号	CN201510092412.7	申请日	2015-03-02
[标]申请(专利权)人(译)	桂林麦迪胜电子科技有限公司		
申请(专利权)人(译)	桂林麦迪胜电子科技有限公司		
当前申请(专利权)人(译)	桂林麦迪胜电子科技有限公司		
[标]发明人	陈真诚 朱健铭 梁永波 殷世民 韩国成 徐彪 张杨		
发明人	陈真诚 朱健铭 梁永波 殷世民 韩国成 徐彪 张杨		
IPC分类号	A61B5/1455 A61B5/01 A61B5/00		
CPC分类号	A61B5/002 A61B5/01 A61B5/02055 A61B5/14532 A61B5/1455 A61B5/6826 A61B5/7203 A61B5/7267 A61B5/02438 A61B5/026 A61B5/14551 A61B5/4266 A61B5/4866 A61B5/7275 G16H40/63 G16H50/20 G06F19/32		
其他公开文献	CN104665840B		
外部链接	Espacenet SIPO		

摘要(译)

本发明公开了一种无创血糖测量方法，应用于包括测量主机和指端测量探头的无创血糖测量仪中，包括：在测量主机中预存随机森林算法以及神经网络预测算法；指端测量探头测量待测个体指端的能量代谢参数，并发送至测量主机；测量主机调用随机森林算法预测待测个体指端的能量代谢参数的血糖类别，并调取对应的神经网络预测算法计算待测个体指端的血糖值。本发明还提供一种指端测量探头。本发明公开的无创血糖测量方法可以用于血糖的无创检测，也可以用于人体能量代谢相关参数，心血管健康参数等的无创检测。

