



(12)发明专利

(10)授权公告号 CN 106388779 B

(45)授权公告日 2019.06.11

(21)申请号 201610843519.5

(22)申请日 2016.09.21

(65)同一申请的已公布的文献号
申请公布号 CN 106388779 A

(43)申请公布日 2017.02.15

(73)专利权人 广州视源电子科技股份有限公司
地址 510530 广东省广州市广州黄埔区云
埔四路6号

(72)发明人 赵巍 胡静 韩志

(74)专利代理机构 广州华进联合专利商标代理
有限公司 44224

代理人 潘桂生

(51)Int.Cl.
A61B 5/00(2006.01)

(56)对比文件

CN 102133100 A,2011.07.27,
WO 2016092433 A1,2016.06.16,
CN 105496363 A,2016.04.20,
CN 104970773 A,2015.10.14,
CN 104780831 A,2015.07.15,
赵攀博.基于协作表示与核熵成分分析的脑
电睡眠状态分期研究.《生物医学工程学杂志》
.2015,第32卷(第4期),730-734.
Shengkun Xie.LEARNING SPARSE
DICTIONARY FOR LONG-TERM BIOMEDICAL
SIGNAL CLASSIFICATION AND CLUSTERING.《The
11th International Conference on
Information Sciences, Signal Processing
and their Applications: Special
Sessions》.2012,1118-1123.

审查员 桂叶晨

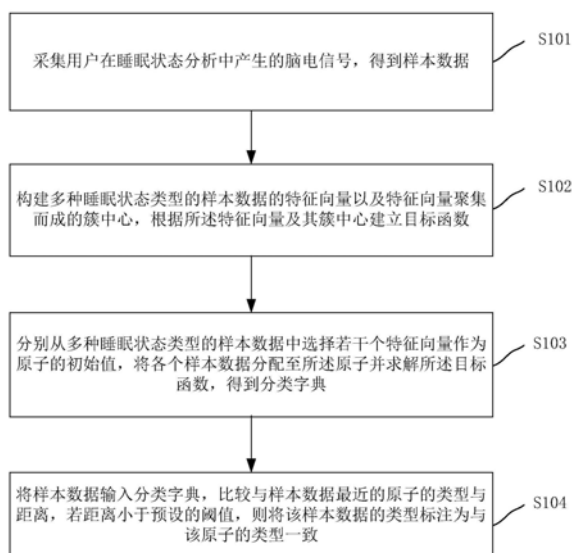
权利要求书3页 说明书5页 附图1页

(54)发明名称

睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统

(57)摘要

本发明涉及一种睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统,所述方法包括:采集用户在睡眠状态分析中的样本数据,构建多种睡眠状态类型的样本数据的特征向量以及特征向量聚集而成的簇中心,根据特征向量及其簇中心建立目标函数;其中,目标函数表征最小化相同类型的样本数据与字典原子的距离,且最大化不同类型的原子之间的距离;分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征向量作为原子的初始值,将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数,得到分类字典;将样本数据输入分类字典,比较与样本数据最近的原子的类型与距离,若距离小于预设的阈值,则将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致。本发明可以准确地标注样本数据的类型。



1. 一种睡眠状态样本数据类型的标注方法,其特征在于,包括:

采集用户在睡眠状态分析中产生的脑电信号,得到样本数据;

构建多种睡眠状态类型的样本数据的特征向量以及特征向量聚集而成的簇中心,根据所述特征向量及其簇中心建立目标函数;其中,所述目标函数用于最小化相同类型的样本数据与字典原子的距离、且最大化不同类型的原子之间的距离;

分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征向量作为原子的初始值,将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数,得到分类字典;

将样本数据输入分类字典,比较与样本数据最近的原子的类型与距离,若距离小于预设的阈值,则将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致。

2. 根据权利要求1所述的睡眠状态样本数据类型的标注方法,其特征在于,所述目标函数为:

$$\min \sum_{p=1}^t \sum_{i=1}^{n^p} \sum_{j=1}^{k^p} \|y_i^p - c_j^p\|_2^2$$

$$\text{s.t. } \max \sum_{l=1}^t \sum_{s=1}^t \sum_{m=1}^{k^l} \sum_{n=1}^{k^s} \|c_m^l - c_n^s\|_2^2, l \neq s$$

式中,设有t种睡眠状态类型的样本数据, y_i^p 为特征向量, c_j^p 为特征向量聚集而成的簇中心,其中, $i=1, \dots, n^p, j=1, \dots, k^p, p=1, \dots, t$ 。

3. 根据权利要求2所述的睡眠状态样本数据类型的标注方法,其特征在于,所述睡眠状态类型包括清醒类型和睡眠类型;

所述目标函数为:

$$\min \sum_{i=1}^{n^{\text{wake}}} \sum_{j=1}^{k^{\text{wake}}} \|y_i^{\text{wake}} - c_j^{\text{wake}}\|_2^2 + \sum_{i=1}^{n^{\text{sleep}}} \sum_{j=1}^{k^{\text{sleep}}} \|y_i^{\text{sleep}} - c_j^{\text{sleep}}\|_2^2$$

$$\text{s.t. } \max \sum_{m=1}^{k^{\text{wake}}} \sum_{n=1}^{k^{\text{sleep}}} \|c_m^{\text{wake}} - c_n^{\text{sleep}}\|_2^2$$

式中, y_i^{wake} 为清醒类型的特征向量, $i=1, \dots, n^{\text{wake}}, c_j^{\text{wake}}$ 为清醒类型的特征向量聚集而成的簇中心, $j=1, \dots, k^{\text{wake}}, y_i^{\text{sleep}}$ 为睡眠类型的特征向量, $i=1, \dots, n^{\text{sleep}}, c_j^{\text{sleep}}$ 为睡眠类型的特征向量聚集而成的簇中心, $j=1, \dots, k^{\text{sleep}}, \text{wake}$ 表示清醒类型, sleep 表示睡眠类型。

4. 根据权利要求2所述的睡眠状态样本数据类型的标注方法,其特征在于,所述分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征向量作为原子的初始值,将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数,得到分类字典的步骤包括:

(1) 分别从清醒类型的样本数据和睡眠类型的样本数据中随机设定若干个特征向量作为原子;将各个样本数据分配给距离其最近的原子;

(2) 若归属于本原子的所有样本数据与原子的类型一致,则计算属于该原子的所有样本数据的均值,并以此作为新的原子;

若存在与原子类型不一致的样本数据,则分别计算清醒类型的样本数据和睡眠类型的样本数据的均值;并根据与原子类型不一致的样本数据的数量及其位置修正原子的位置,

将原子的位置更新在距离阴性样本数据的更远的位置；

(3) 若归属于本原子的所有样本数据与原子的类型均不一致，则变更该原子的类型，并计算属于该原子所有样本数据的均值，并将该均值作为新的原子；

(4) 重复执行步骤(2)和(3)进行迭代，当迭代前后的原子的差值小于设定范围，或者没有样本数据被分配至新的原子时，存储当前的分类字典并退出训练。

5. 根据权利要求4所述的睡眠状态样本数据类型的标注方法，其特征在于，所述步骤(2)中计算清醒类型的样本数据和睡眠类型的样本数据的均值过程包括如下公式：

$$c'_{wake} = \frac{1}{n_{wake}} \sum y_i^{wake}$$

$$c'_{sleep} = \frac{1}{n_{sleep}} \sum y_j^{sleep}$$

式中， c'_{wake} 为清醒类型的样本数据的均值， c'_{sleep} 为睡眠类型的样本数据的均值。

6. 根据权利要求4所述的睡眠状态样本数据类型的标注方法，其特征在于，所述步骤(2)中修正原子的位置包括如下公式：

$$c = \begin{cases} c_{wake} + g(c_{wake} | w_{sleep}, c_{sleep}) \cdot w_{sleep} c_{sleep}, \|c - c_{sleep}\|_2 > \|c_{wake} - c_{sleep}\|_2 & \text{if type} = \text{wake} \\ c_{sleep} + g(c_{sleep} | w_{wake}, c_{wake}) \cdot w_{wake} c_{wake}, \|c - c_{wake}\|_2 > \|c_{sleep} - c_{wake}\|_2 & \text{if type} = \text{sleep} \end{cases}$$

式中， c 为修正后原子的位置， g 为判断函数， w 为权重值。

7. 根据权利要求6所述的睡眠状态样本数据类型的标注方法，其特征在于，所述权重值 w 的计算公式如下：

$$w_{wake} = \frac{n_{wake}}{n_{wake} + n_{sleep}}, g(c_{wake} | w_{sleep}, c_{sleep}) = \begin{cases} 1 & \text{if } w_{sleep} c_{sleep}^T (2c_{wake} - c_{sleep}) > 0 \\ -1 & \text{if } w_{sleep} c_{sleep}^T (2c_{wake} - c_{sleep}) < 0 \end{cases}$$

$$w_{sleep} = \frac{n_{sleep}}{n_{wake} + n_{sleep}}, g(c_{sleep} | w_{wake}, c_{wake}) = \begin{cases} 1 & \text{if } w_{wake} c_{wake}^T (2c_{sleep} - c_{wake}) > 0 \\ -1 & \text{if } w_{wake} c_{wake}^T (2c_{sleep} - c_{wake}) < 0 \end{cases}$$

式中， w_{wake} 为清醒类型的权重值， w_{sleep} 为睡眠类型的权重值。

8. 根据权利要求6所述的睡眠状态样本数据类型的标注方法，其特征在于，所述权重值 w 的计算公式如下：

$$w = \begin{cases} \frac{0.5n_{sleep}}{n_{wake} + n_{sleep}} & \text{if type} = \text{wake} \\ \frac{0.5n_{wake}}{n_{wake} + n_{sleep}} & \text{if type} = \text{sleep} \end{cases}.$$

9. 根据权利要求3所述的睡眠状态样本数据类型的标注方法，其特征在于，所述将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致的步骤包括：

根据分类字典的原子类型，识别出清醒类型的样本数据和睡眠类型的样本数据，然后将样本数据标注相应的数据类型。

10. 一种睡眠状态样本数据类型的标注系统，其特征在于，包括：

样本采集模块，用于采集用户在睡眠状态分析中产生的脑电信号，得到样本数据；

字典构建模块,用于构建多种睡眠状态类型的样本数据的特征向量以及特征向量聚集而成的簇中心,根据所述特征向量及其簇中心建立目标函数;其中,所述目标函数用于最小化相同类型的样本数据与字典原子的距离、且最大化不同类型的原子之间的距离;

字典训练模块,用于分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征向量作为原子的初始值,将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数,得到分类字典;

样本标注模块,用于将样本数据输入分类字典,比较与样本数据最近的原子的类型与距离,若距离小于预设的阈值,则将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致。

睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统

技术领域

[0001] 本发明涉及辅助睡眠技术领域,特别是涉及一种睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统。

背景技术

[0002] 在睡眠中,人体进行了自我放松及恢复的过程,因此良好的睡眠是保持身体健康的一项基本条件;但是由于工作压力大、生活作息不规律等原因,导致了部分人群的睡眠质量欠佳,表现为失眠、半夜惊醒等。

[0003] 目前市面上已经有一些设备来帮助人们入睡,提高睡眠质量。例如在某一特定睡眠状态下通过声音、光信号等人工干预,避免在熟睡状态下叫醒用户等。对于辅助睡眠的设备而言,为了真正达到提高用户睡眠质量的目的,正确的检测用户的睡眠状态是非常重要的。

[0004] 目前临床上主要采用多导睡眠图识别睡眠状态,主要是利用脑电信号来对睡眠进行分析,通过训练睡眠状态模型来识别被测者的睡眠状态,例如判断用户处于睡眠的哪个阶段,但由于脑电信号的特异性较强,并且强度很弱容易受到外界干扰。现有技术训练的分类器对很多用户的检测存在误差,难以对睡眠状态样本数据的类型进行标注。

发明内容

[0005] 基于此,有必要针对上述问题,提供一种睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统,有效地提高睡眠状态分类器识别的准确性。

[0006] 一种睡眠状态样本数据类型的标注方法,包括:

[0007] 采集用户在睡眠状态分析中产生的脑电信号,得到样本数据;

[0008] 构建多种睡眠状态类型的样本数据的特征向量以及特征向量聚集而成的簇中心,根据所述特征向量及其簇中心建立目标函数;其中,所述目标函数表征最小化相同类型的样本数据与字典原子的距离,且最大化不同类型的原子之间的距离;

[0009] 分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征向量作为原子的初始值,将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数,得到分类字典;

[0010] 将样本数据输入分类字典,比较与样本数据最近的原子的类型与距离,若距离小于预设的阈值,则将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致。

[0011] 一种睡眠状态样本数据类型的标注系统,包括:

[0012] 样本采集模块,用于采集用户在睡眠状态分析中产生的脑电信号,得到样本数据;

[0013] 字典构建模块,用于构建多种睡眠状态类型的样本数据的特征向量以及特征向量聚集而成的簇中心,根据所述特征向量及其簇中心建立目标函数;其中,所述目标函数表征最小化相同类型的样本数据与字典原子的距离,且最大化不同类型的原子之间的距离;

[0014] 字典训练模块,用于分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征向量作为原子的初始值,将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数,得到分类字典;

[0015] 样本标注模块,用于将样本数据输入分类字典,比较与样本数据最近的原子的类型与距离,若距离小于预设的阈值,则将样本数据的类型标注为与该原子的类型一致。

[0016] 上述睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统,基于具有分类能力的聚类算法来训练字典,字典中原子分别对应一种睡眠状态,以原子的个数为算法的参数,训练时通过最小化相同类型的样本与字典原子的距离,同时最大化不同类型的原子之间的距离的方式,以针对每种睡眠状态训练出相应的原子,然后利用对应于不同类型的原子及距离对样本的类型进行判断,从而可以准确地标注样本数据的类型,使得后续用于睡眠状态分类器的自学习过程中能够训练出更加准确的睡眠状态分类器,提升睡眠状态检测的准确性。

附图说明

[0017] 图1为一个实施例的睡眠状态样本数据类型的标注方法的流程图;

[0018] 图2为一个实施例的睡眠状态样本数据类型的标注系统结构示意图。

具体实施方式

[0019] 下面结合附图阐述本发明的睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统的实施例。

[0020] 参考图1所示,图1为一个实施例的睡眠状态样本数据类型的标注方法的流程图,包括:

[0021] 步骤S101,采集用户在睡眠状态分析中产生的脑电信号,得到样本数据;

[0022] 此步骤中,在对用户进行辅助睡眠分析时,通过用户佩戴相关传感设备,检测用户的脑电信号,在采集脑电信号时,可以以30s为一帧进行采集。

[0023] 根据需要进行睡眠状态识别的任务,确定特征数据类型,从脑电信号中提取与之相应的样本数据;例如,要识别1~N种睡眠状态,提取用于进行这N种状态识别的样本数据。

[0024] 步骤S102,构建多种睡眠状态类型的样本数据的特征向量以及特征向量聚集而成的簇中心,根据所述特征向量及其簇中心建立目标函数;其中,所述目标函数表征最小化相同类型的样本数据与字典原子的距离,且最大化不同类型的原子之间的距离;

[0025] 本步骤中,在KMeans (K均值) 和KNN (K最邻近) 算法的基础上,设计具有分类能力的聚类算法来训练字典,字典中原子分别对应一种睡眠状态(如清醒状态,睡眠状态等),原子的个数为算法的参数。

[0026] 当输入样本与原子的距离足够小(相似度足够大时),则可以认为样本的类型与原子的类型是一致的;建立目标函数,在训练时通过最小化相同类型的样本与字典原子的距离,同时最大化不同类型的原子之间的距离的方式,以针对每种特定状态都训练出相应的原子。

[0027] 如果是多分类问题,设有一共有t种类型的样本, $y_i^p, i=1, \dots, n^p, p=1, \dots, t$ 为特征向量, $c_j^p, j=1, \dots, k^p, p=1, \dots, t$ 为特征向量聚集而成的簇中心,目标函数的通用形式可以表示为如下形式:

$$[0028] \quad \min \sum_{p=1}^t \sum_{i=1}^{n^p} \sum_{j=1}^{k^p} \|y_i^p - c_j^p\|_2^2$$

$$[0029] \quad \text{s.t.} \max \sum_{l=1}^t \sum_{s=1}^t \sum_{m=1}^{k^l} \sum_{n=1}^{k^s} \|c_m^l - c_n^s\|_2^2, l \neq s$$

[0030] 式中,设有t种睡眠状态类型的样本数据, $y_i^p, i=1, \dots, n^p, p=1, \dots, t$ 为特征向量, $c_j^p, j=1, \dots, k^p, p=1, \dots, t$ 为特征向量聚集而成的簇中心。

[0031] 以清醒状态和睡眠状态的二类问题为例,设 $y_i^w, i=1, \dots, n^w$ 为清醒状态类型(wake)的特征向量, $c_j^w, j=1, \dots, k^w$ 为清醒状态类型的特征向量聚集而成的簇中心, $y_i^s, i=1, \dots, n^s$ 为睡眠状态类型(sleep)的特征向量, $c_j^s, j=1, \dots, k^s$ 为睡眠状态类型的特征向量聚集而成的簇中心,其目标函数可以表示为如下形式:

[0032] 所述目标函数为:

$$[0033] \quad \min \sum_{i=1}^{n^{wake}} \sum_{j=1}^{k^{wake}} \|y_i^{wake} - c_j^{wake}\|_2^2 + \sum_{i=1}^{n^{sleep}} \sum_{j=1}^{k^{sleep}} \|y_i^{sleep} - c_j^{sleep}\|_2^2$$

$$[0034] \quad \text{s.t.} \max \sum_{m=1}^{k^{wake}} \sum_{n=1}^{k^{sleep}} \|c_m^{wake} - c_n^{sleep}\|_2^2$$

[0035] 式中, $y_i^{wake}, i=1, \dots, n^{wake}$ 为清醒类型的特征向量, $c_j^{wake}, j=1, \dots, k^{wake}$ 为清醒类型的特征向量聚集而成的簇中心, $y_i^{sleep}, i=1, \dots, n^{sleep}$ 为睡眠类型的特征向量, $c_j^{sleep}, j=1, \dots, k^{sleep}$ 为睡眠类型的特征向量聚集而成的簇中心, wake表示清醒类型, sleep表示睡眠类型。

[0036] 步骤S103,分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征向量作为原子的初始值,将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数,得到分类字典;

[0037] 本步骤中,基于所述目标函数,训练分类字典,在训练时,本方案在经典的KMeans算法的基础上进行改进,以清醒状态和睡眠状态的二类分类问题为例,训练过程可以如下:

[0038] (1) 初始化时,分别从清醒类型的样本数据和睡眠类型的样本数据中随机设定若干个特征向量作为原子;将各个样本数据分配给距离其最近的原子;

[0039] (2) 更新原子,若归属于本原子的所有样本数据与原子的类型一致(均为清醒状态类型或者均为睡眠状态类型),则计算属于该原子的所有样本数据的均值,并以此作为新的原子;

[0040] 若存在与原子类型不一致的样本数据,则分别计算清醒类型的样本数据和睡眠类型的样本数据的均值,计算过程可以包括如下公式:

$$[0041] \quad c'_{wake} = \frac{1}{n^{wake}} \sum y_i^{wake}$$

$$[0042] \quad c'_{sleep} = \frac{1}{n^{sleep}} \sum y_j^{sleep}$$

[0043] 式中, c'_{wake} 为清醒类型的样本数据的均值, c'_{sleep} 为睡眠类型的样本数据的均值;

[0044] 根据与原子类型不一致的样本数据(阴性样本)的数量及其位置修正原子的位置,将原子的位置更新在距离阴性样本数据的更远的位置,计算过程可以包括如下公式:

[0045]

$$c = \begin{cases} c_{wake} + g(c_{wake} | w_{sleep}, c_{sleep}) \cdot w_{sleep} c_{sleep}, & \|c - c_{sleep}\|_2^2 > \|c_{wake} - c_{sleep}\|_2^2 \quad \text{if type} = \text{wake} \\ c_{sleep} + g(c_{sleep} | w_{wake}, c_{wake}) \cdot w_{wake} c_{wake}, & \|c - c_{wake}\|_2^2 > \|c_{sleep} - c_{wake}\|_2^2 \quad \text{if type} = \text{sleep} \end{cases}$$

[0046] 式中,c为修正后原子的位置,g为判断函数,w为权重值;

[0047] 进一步的,所述权重值w的计算公式可以如下:

$$[0048] \quad w_{wake} = \frac{n_{wake}}{n_{wake} + n_{sleep}}, g(c_{wake} | w_{sleep}, c_{sleep}) = \begin{cases} 1 & \text{if } w_{sleep} c_{sleep}^T (2c_{wake} - c_{sleep}) > 0 \\ -1 & \text{if } w_{sleep} c_{sleep}^T (2c_{wake} - c_{sleep}) < 0 \end{cases}$$

$$[0049] \quad w_{sleep} = \frac{n_{sleep}}{n_{wake} + n_{sleep}}, g(c_{sleep} | w_{wake}, c_{wake}) = \begin{cases} 1 & \text{if } w_{wake} c_{wake}^T (2c_{sleep} - c_{wake}) > 0 \\ -1 & \text{if } w_{wake} c_{wake}^T (2c_{sleep} - c_{wake}) < 0 \end{cases}$$

[0050] 式中, w_{wake} 为清醒类型的权重值, w_{sleep} 为睡眠类型的权重值。

[0051] 作为另一个实施例,所述权重值w的计算公式也可以如下:

$$[0052] \quad w = \begin{cases} \frac{0.5n_{sleep}}{n_{wake} + n_{sleep}} & \text{if type} = \text{wake} \\ \frac{0.5n_{wake}}{n_{wake} + n_{sleep}} & \text{if type} = \text{sleep} \end{cases}$$

[0053] (3) 若归属于本原子的所有样本数据与原子的类型均不一致,则变更该原子的类型,并计算属于该原子所有样本数据的均值,并将该均值作为新的原子;

[0054] (4) 重复执行步骤(2)和(3)进行迭代,当迭代前后的原子的差值小于设定范围(足够小),或者没有样本数据被分配至新的原子时,存储当前的分类字典并退出训练。

[0055] 步骤S104,将样本数据输入分类字典,比较与样本数据最近的原子的类型与距离,若距离小于预设的阈值,则将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致。

[0056] 此步骤中,利用样本数据对分类字典进行测试,通过比较与样本数据最近的原子的类型与距离来判断样本数据的类型,若距离小于阈值,则认为样本数据的类型与该原子的类型一致,输出“真”的判断,将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致,反之则拒绝判断。

[0057] 利用上述方案对样本数据标注的类型。可以用于训练分类器,例如,选用svm(支持向量机)分类器,神经网络训练分类模型。

[0058] 参考图2所示,图2为一个实施例的睡眠状态样本数据类型的标注系统结构示意图,包括:

[0059] 样本采集模块101,用于采集用户在睡眠状态分析中产生的脑电信号,得到样本数据;

[0060] 字典构建模块102,用于构建多种睡眠状态类型的样本数据的特征向量以及特征向量聚集而成的簇中心,根据所述特征向量及其簇中心建立目标函数;其中,所述目标函数表征最小化相同类型的样本数据与字典原子的距离,且最大化不同类型的原子之间的距离;

[0061] 字典训练模块103,用于分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征

向量作为原子的初始值,将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数,得到分类字典;

[0062] 样本标注模块104,用于将样本数据输入分类字典,比较与样本数据最近的原子的类型与距离,若距离小于预设的阈值,则将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致。

[0063] 本发明的睡眠状态样本数据类型的标注系统与本发明的睡眠状态样本数据类型的标注方法一一对应,在上述睡眠状态样本数据类型的标注方法的实施例阐述的技术特征及其有益效果均适用于睡眠状态样本数据类型的标注系统的实施例中,特此声明。

[0064] 以上所述实施例的各技术特征可以进行任意的组合,为使描述简洁,未对上述实施例中的各个技术特征所有可能的组合都进行描述,然而,只要这些技术特征的组合不存在矛盾,都应当认为是本说明书记载的范围。

[0065] 以上所述实施例仅表达了本发明的几种实施方式,其描述较为具体和详细,但并不能因此而理解为对发明专利范围的限制。应当指出的是,对于本领域的普通技术人员来说,在不脱离本发明构思的前提下,还可以做出若干变形和改进,这些都属于本发明的保护范围。因此,本发明的保护范围应以所附权利要求为准。

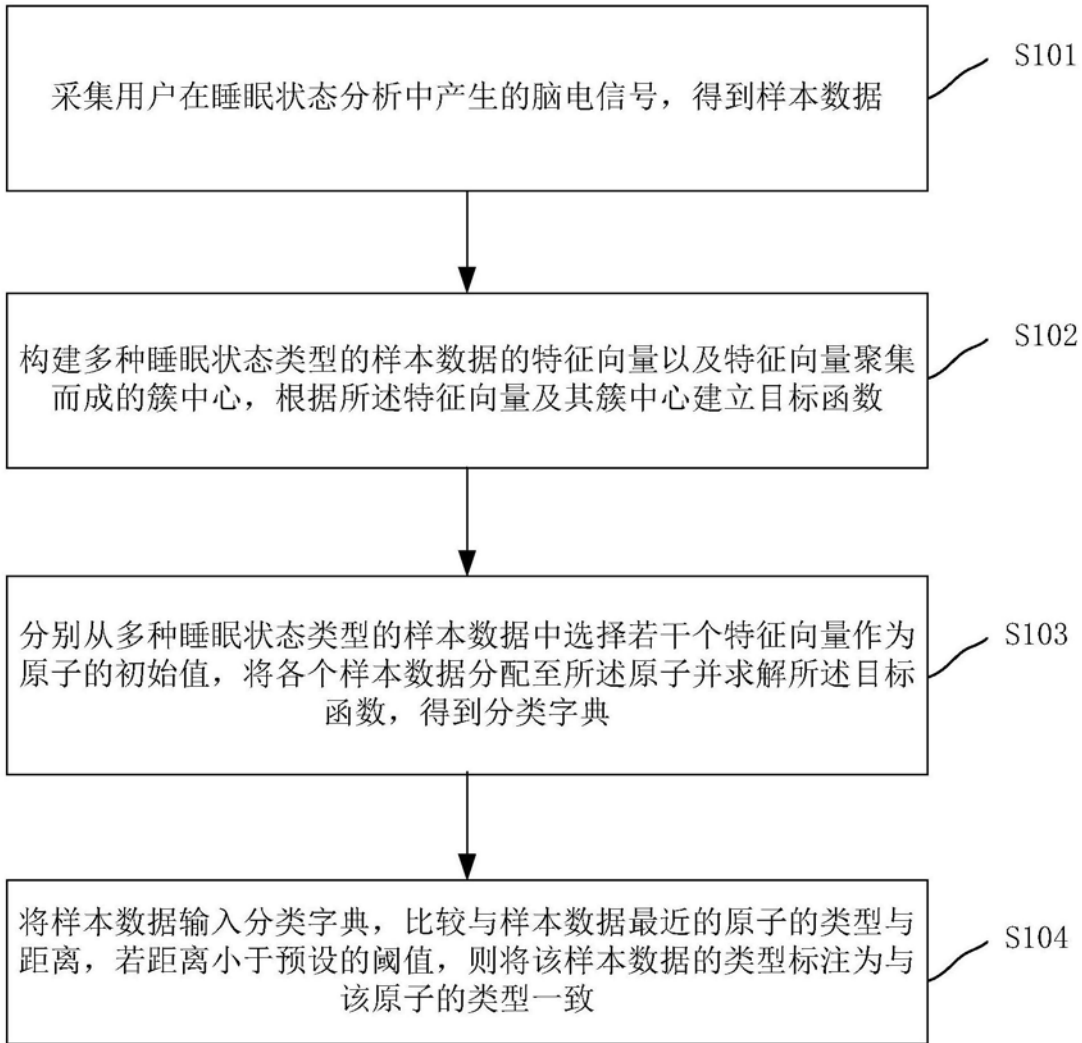


图1

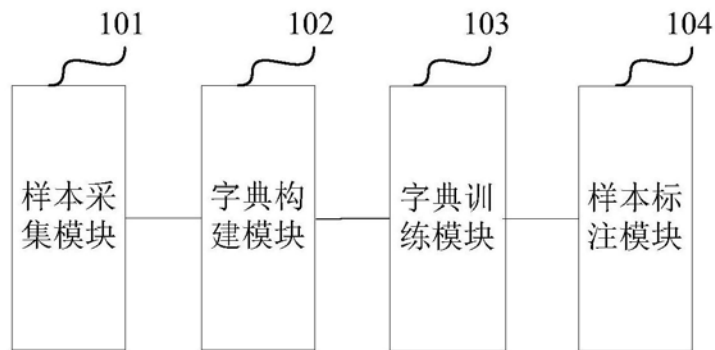


图2

专利名称(译)	睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统		
公开(公告)号	CN106388779B	公开(公告)日	2019-06-11
申请号	CN201610843519.5	申请日	2016-09-21
[标]申请(专利权)人(译)	广州视源电子科技股份有限公司		
申请(专利权)人(译)	广州视源电子科技股份有限公司		
当前申请(专利权)人(译)	广州视源电子科技股份有限公司		
[标]发明人	赵巍 胡静 韩志		
发明人	赵巍 胡静 韩志		
IPC分类号	A61B5/00		
CPC分类号	A61B5/04012 A61B5/0476 A61B5/4806 A61B5/4809 A61B5/4815 A61B5/7264		
代理人(译)	潘桂生		
其他公开文献	CN106388779A		
外部链接	Espacenet SIPO		

摘要(译)

本发明涉及一种睡眠状态样本数据类型的标注方法和系统，所述方法包括：采集用户在睡眠状态分析中的样本数据，构建多种睡眠状态类型的样本数据的特征向量以及特征向量聚集而成的簇中心，根据特征向量及其簇中心建立目标函数；其中，目标函数表征最小化相同类型的样本数据与字典原子的距离，且最大化不同类型的原子之间的距离；分别从多种睡眠状态类型的样本数据中选择若干个特征向量作为原子的初始值，将各个样本数据分配至所述原子并求解所述目标函数，得到分类字典；将样本数据输入分类字典，比较与样本数据最近的原子的类型与距离，若距离小于预设的阈值，则将该样本数据的类型标注为与该原子的类型一致。本发明可以准确地标注样本数据的类型。

