



(12)发明专利申请

(10)申请公布号 CN 110363177 A

(43)申请公布日 2019.10.22

(21)申请号 201910665759.4

(22)申请日 2019.07.23

(71)申请人 上海图灵医疗科技有限公司

地址 200241 上海市闵行区东川路555号丙
楼1129室

(72)发明人 徐赤坤

(51)Int.Cl.

G06K 9/00(2006.01)

A61B 5/00(2006.01)

A61B 5/04(2006.01)

权利要求书1页 说明书15页

(54)发明名称

一种人体生物电信号混沌特征的提取方法

(57)摘要

本发明公开了一种人体生物电信号混沌特征的提取方法,具体流程为:将人体生物电信号数据进行预处理,获取目标波段的信号数据;采用自适应性系统辨识方法对目标波段的信号数据进行建模,实现非线性系统的局部准确模型辨识,得到人体生物电信号非线性系统动态数据;接着采用非线性动力学方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征,接着获取混沌特征对应的量化指标数据,并构建特定人体疾病风险评估模型,最后实现对待测人员罹患特定人体疾病风险的评估。本发明所述的提取方法可挖掘出人体生物电信号非线性非线性系统动态数据中丰富的混沌特征及相应的量化指标阈值,为待测人员罹患人体疾病的风险提供了一种新的评估方法。

1. 一种人体生物电信号混沌特征的提取方法,其特征在于,包括以下步骤:

S1. 获取人体生物电信号非线性系统动态数据;

S2. 采用非线性动力学方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征。

2. 如权利要求1所述的提取方法,其特征在于,所述的人体生物电信号非线性系统动态数据的总长度为10~50000字节。

3. 如权利要求1所述的提取方法,其特征在于,所述的人体生物电信号非线性系统动态数据 $V(x)$,可表示为: $V(x) = mV_1(x) + nV_2(x)$;其中 m 和 n 的值都为-1~1,所述的 $V_1(x)$ 包括心电图向量数据;所述的 $V_2(x)$ 包括心电非线性系统动态数据。

4. 如权利要求1所述的提取方法,其特征在于,还包括步骤S3:获取人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征的量化指标,所述的混沌特征的量化指标的数值 $H_i = ((a \times C_i - b \times E_n + c \times L_i) \div \ln(j_i)) - ((d \times F_i + e \times PP_i - f \times PS_i) \div \ln(k_i)) + x \times PSS_i + y \times S_i + z \times SD_i$, C_i 为复杂度的量化值、 E_n 为熵的量化值、 L_i 为李雅普诺夫指数的量化值、 F_i 为分维数的量化值、 PP_i 为相平面图的量化值、 PS_i 为功率谱的量化值、 PSS_i 为庞加莱截面的量化值、 S_i 为散点图的量化值、 SD_i 为符号动力学的量化值, a 、 b 、 c 、 d 、 e 、 f 、 x 、 y 或 z 的取值为适应不同类型的人体健康状况而作出的适应性选择值, i 的取值为不小于1的正整数, j_i 和 k_i 的取值为-4~4之间, $\ln()$ 为以 e 为底数的对数函数。

5. 一种人体生物电信号数据特征的提取方法,其特征在于,包括以下步骤:

S1. 获取人体生物电信号非线性系统动态数据;

S2. 采用非线性动力学方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征;

S3. 获取人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标;

其中,所述人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标为 $H = ((a^n \times C' - b^n \times E_n' + c^n \times L') \div \ln(j)) - ((d^n \times F' + e^n \times PP' - f^n \times PS') \div \ln(k)) + x^n \times PSS' + y^n \times S' + z \times SD'$, C' 为复杂度的量化值、 E_n' 为熵的量化值、 L' 为李雅普诺夫指数的量化值、 F' 为分维数的量化值、 PP' 为相平面图的量化值、 PS' 为功率谱的量化值、 PSS' 为庞加莱截面的量化值、 S' 为散点图的量化值、 SD' 为符号动力学的量化值, a 、 b 、 c 、 d 、 e 、 f 、 x 、 y 或 z 的取值为-3~3之间, n 的取值为偶数, j 和 k 的取值为-4~4之间, $\ln()$ 为以 e 为底数的对数函数。

6. 一种人体生物电信号异常的识别方法,其特征在于,使用权利要求1-5任一项所述的提取方法,对人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标进行提取,并设定所述的人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标的监测阈值,以实际提取值与所述的监测阈值进行对比来进行异常判定。

7. 一种人体疾病风险的评估装置,其特征在于,所述的评估装置执行包括通过权利要求1-5任一权项所述的提取方法获取人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标的步骤。

8. 一种使用权利要求1-5任一权项所述的提取方法进行人体疾病风险评估的应用。

一种人体生物电信号混沌特征的提取方法

技术领域

[0001] 本发明涉及于诊断目的的测量技术领域,特别是涉及一种人体生物电信号混沌特征的提取方法。

背景技术

[0002] 人体在静止状态或活动状态,都会产生与生命状态密切相关的有规律的电现象,称为生物电。人体的生物电信号包括静息电位和动作电位,其本质是离子的跨膜流动;人体的生物电信号通常能通过电极拾取,经适当的生物电放大器放大,进行记录,所记录的人体生物电信号是考量人体生理参数的主要指标,在人们生活中发挥着重要的作用。

[0003] 当前,现有技术对人体的生物电信号的检测和使用已取得一些进展;然而,到目前为止,现有技术对人体的生物电信号数据特征的开发依然存在一些难以避免的缺陷:挖掘出的人体生物电信号数据特征过于有限,获取的人体生物电信号数据特征的量化指标的应用主要依赖于临床医生的从业经验,不能与具体疾病进行有机地融合,难以充分发挥其应有的临床检测价值;因而,亟需开发一种人体生物电信号数据特征的提取方法,充分展现人体生物电信号复杂的动态过程,结合不同的人体健康状况,筛查出人体疾病早期细微的人体生物电信号的变化,为后期医生进行人体疾病的精准治疗提供便利。

[0004] 因此,有必要提供开发一种改进的技术方案以克服现有技术中存在的技术问题。

发明内容

[0005] 为了解决上述问题,本发明公开了一种人体生物电信号特征提取的方法,具体流程为:将人体生物电信号数据进行预处理,获取目标波段的信号数据;采用自适应系统辨识方法对目标波段的信号数据进行建模,实现非线性系统的局部准确模型辨识,从而得到人体生物电信号非线性系统动态数据;接着采用异质度分析的方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据内在的动态特征,然后获取相应的量化指标数据构建特定人体疾病风险评估模型,从而实现对待测人员罹患特定人体疾病风险的评估。本发明所述方法,可挖掘出人体生物电信号非线性非线性系统动态数据中丰富的动态特征及相应的量化指标阈值,为待测人员罹患人体疾病的风险提供了一种新的评估方法。

[0006] 本发明的第一方面提供了一种人体生物电信号混沌特征的提取方法,包括以下步骤:

[0007] S1. 获取人体生物电信号非线性系统动态数据;

[0008] S2. 采用非线性动力学方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征。

[0009] 可选地,在如前所述的方法中,所述的人体生物电信号非线性系统动态数据的总长度为10~50000字节。

[0010] 可选地,在如前所述的方法中,所述的人体生物电信号非线性系统动态数据 $V(x)$,可表示为: $V(x) = mV_1(x) + nV_2(x)$;其中 m 和 n 的值都为-1~1,所述的 $V_1(x)$ 包括心电向量数

据;所述的 $V_2(x)$ 包括心电非线性系统动态数据。

[0011] 可选地,在如前所述的方法中,还包括步骤S3:获取人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征的量化指标,所述的混沌特征的量化指标的数值 $H_i = ((a \times C_i - b \times En_i + c \times L_i) \div \ln(j_i)) - ((d \times F_i + e \times PP_i - f \times PS_i) \div \ln(k_i)) + x \times PSS_i + y \times S_i + z \times SD_i$, C_i 为复杂度的量化值、 En_i 为熵的量化值、 L_i 为李雅普诺夫指数的量化值、 F_i 为分维数的量化值、 PP_i 为相平面图的量化值、 PS_i 为功率谱的量化值、 PSS_i 为庞加莱截面的量化值、 S_i 为散点图的量化值、 SD_i 为符号动力学的量化值, a 、 b 、 c 、 d 、 e 、 f 、 x 、 y 或 z 的取值为适应不同类型的人体健康状况而作出的适应性选择值, i 的取值为不小于1的正整数, j_i 和 k_i 的取值为 $-4 \sim 4$ 之间, $\ln()$ 为以 e 为底数的对数函数。

[0012] 本发明的第二方面提供了一种人体生物电信号数据特征的提取方法,包括以下步骤:

[0013] S1.获取人体生物电信号非线性系统动态数据;

[0014] S2.采用非线性动力学方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征;

[0015] S3.获取人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标;

[0016] 其中,所述人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标为 $H = ((a^n \times C' - b^n \times En' + c^n \times L') \div \ln(j)) - ((d^n \times F' + e^n \times PP' - f^n \times PS') \div \ln(k)) + x^n \times PSS' + y^n \times S' + z \times SD'$, C' 为复杂度的量化值、 En' 为熵的量化值、 L' 为李雅普诺夫指数的量化值、 F' 为分维数的量化值、 PP' 为相平面图的量化值、 PS' 为功率谱的量化值、 PSS' 为庞加莱截面的量化值、 S' 为散点图的量化值、 SD' 为符号动力学的量化值, a 、 b 、 c 、 d 、 e 、 f 、 x 、 y 或 z 的取值为 $-3 \sim 3$ 之间, n 的取值为偶数, j 和 k 的取值为 $-4 \sim 4$ 之间, $\ln()$ 为以 e 为底数的对数函数。

[0017] 本发明的第三方面提供了一种人体生物电信号异常的识别方法,使用前述的提取方法,对人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标进行提取,并设定所述的人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标的监测阈值,以实际提取值与所述的监测阈值进行对比来进行异常判定。

[0018] 本发明的第四方面提供了一种人体疾病风险的评估装置,所述的评估装置执行包括通过前述的提取方法获取人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标的步骤。

[0019] 本发明的第五方面提供了一种使用前述的提取方法进行人体疾病风险评估的应用。

[0020] 本发明通过以上技术方案的实施,与现有技术相比,取得了如下优异的技术效果:本发明采用异质度分析的方法提取出人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征,接着进行人体生物电信号非线性系统动态数据特征的量化判定,并进一步优化对应的量化判定机器学习模型的参数,与具体的疾病分类对应起来,可有效为后续人体疾病的早期检测提供较为准确的参考内容,为后期医生进行人体疾病的精准治疗提供便利。

具体实施方式

[0021] 下列实施例中未注明具体条件的实验方法,通常按照国家标准测定。若没有相应的国家标准,则按照通用的国际标准、常规条件、或按照制造厂商所建议的条件进行。

[0022] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的人体生物电信号包括但不限于心电信号、脑电信号、肌电信号、胃电信号、眼电信号、视网膜电信号、心电向量数据、心电非线性系统动态数据等。

[0023] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的混沌特征包括复杂度、熵、李雅普诺夫指数、分维数、相平面图、功率谱、庞加莱截面或散点图中的一种或几种。

[0024] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的人体生物电信号非线性系统动态数据是通过自适应性系统辨识方法得到。

[0025] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电信号包括但不限于心电图信号、预处理的心电图信号、截取的心电图信号和各种导联的心电数据;心电数据包括但不限于截取波、段、间期的心电数据。

[0026] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电信号包括但不限于单导联心电数据、12导联心电数据或其它多导联心电数据。

[0027] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电向量数据包括但不限于反映心电大小和方向信息的数据。

[0028] 在本发明中,如果没有特别的说明,所述的心电向量数据包括但不限于完整的心电向量数据、预处理的心电向量数据、截取的心电向量数据,所述的截取的心电向量数据包括但不限于:存在于心电向量数据上任意大小的一部分数据。

[0029] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电向量数据包括但不限于单维度数据或多维度数据;所述单维度的心电向量数据包括但不限于心电向量数据在一个维度空间上投影的数据信息;所述的多维度的心电向量数据包括但不限于心电向量数据在多个维度空间上投影的数据信息。

[0030] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电向量数据包括但不限于将心电数据进行数学运算后得到的向量数据,所述的数学运算包括但不限于三维转换,比如12导联心电数据(或15导联心电数据或18导联心电数据)进行三维转换后得到的向量数据;所述的数学运算包括但不限于:Kors J.A.等在1990年发表在European Heart Journal杂志的11(12):1083的论文所述的计算方法。

[0031] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电向量数据包括但不限于将心电数据经过转换后获得的单维度数据或多维度数据,所述的转换包括但不限于将12导联(或多导联)心电数据转换为单维度数据或多维度数据。

[0032] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电向量数据包括但不限于:截取P波、和/或R波、和/或QRS波群、和/或S波、和/或T波、和/或U波、和/或PR段、和/或ST段、和/或ST-T段、和/或PR间期、和/或ST间期、和/或QT间期等数据后的心电向量数据。

[0033] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的人体生物电信号非线性系统动态数据是将人体生物电信号经过多维转换,多维转换方法包括但不限于:Kors J.A.等在1990年发表在European Heart Journal杂志的11(12):1083的论文所述的计算方法,然后再将多维转换后的数据通过自适应性系统辨识方法得到的动态数据。

[0034] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的人体生物电信号非线性系统动态数据的总长度为10~50000字节。可以轻易地联想到使用长度在10~50000字节以外的人体生物电信号非线性系统动态数据进行混沌特性分析;但发明人发现:10~50000字节的人

体生物电信号非线性系统动态数据,对于后期的非线性动力学分析具有更优的准确性和稳定性,10字节以下或50000字节以上的人体生物电信号非线性系统动态数据会导致后期的实验数据分析,准确性或检测效率产生大幅度地降低。因此,将用于疾病检测的人体生物电信号非线性系统动态数据限定在10~50000字节之间;根据实验结果和疾病检测的准确性(或检测效率),人体生物电信号非线性系统动态数据优选为300~10000字节,更优选为200~10000字节,更优选为100~9000字节,更优选为500~20000字节,最优选为500~10000字节。

[0035] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的人体生物电信号非线性系统动态数据包括但不限于单维度脑电动力学数据、多维度的脑电动力学数据、单维度肌电动力学数据、多维度的肌电动力学数据、单维度眼电动力学数据、多维度的眼电动力学数据、单维度胃电动力学数据、多维度的胃电动力学数据、单维度视网膜电动力学数据、多维度的视网膜电动力学数据、单维度肌电信号转换数据、多维度的肌电信号转换数据、单维度眼电信号转换数据、多维度的眼电信号转换数据、单维度胃电信号转换数据、多维度的胃电信号转换数据、单维度眼电信号、多维度的眼电信号、单维度眼电信号转换数据、多维度的眼电信号转换数据、单维度视网膜电信号、多维度的视网膜电信号、单维度视网膜电信号转换数据、多维度的视网膜电信号转换数据、单维度心电非线性系统动态数据和多维度的心电非线性系统动态数据;心电非线性系统动态数据包括但不限于:将心电向量数据(或者经过波、段或间期的截取后的心电向量数据)通过自适应系统识别方法进行建模后获取的数据。发明人发现,人体生物电信号非线性系统动态数据比人体生物电信号在进行人体疾病筛查具有更好的敏感性和临床应用的直观性,因为采用人体生物电信号非线性系统动态数据进行数据特征的提取,具有更好的临床应用价值。在一些优选的实施方案中,人体生物电信号非线性系统动态数据是RBF神经网络建模算法获取的数据叠加上同一时段的BP神经网络建模算法获取的数据,以获得更好的数据应用性能。在一些优选的实施方案中,人体生物电信号非线性系统动态数据是单维度的,可以获得更好的人体健康状况评估结果。

[0036] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电非线性系统动态数据包括但不限于:将心电数据或心电向量数据通过数学运算后获取的非线性系统动态数据。所述的数学运算包括但不限于建模的方法,建模的方法包括但不限于自适应系统系统辨识方法,自适应系统系统辨识方法包括但不限于神经网络方法、调节函数法、最小二乘法、极大似然法、回归方程、或预报误差法等。

[0037] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电非线性系统动态数据包括但不限于心电动力学数据。

[0038] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电动力学数据包括但不限于:将心电向量数据经过(或不经过)波、段或间期的截取后,然后通过自适应系统系统辨识方法而获取的单维度数据或多维度数据。

[0039] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电非线性系统动态数据包括但不限于完整的心电动力学数据、预处理的心电动力学数据、截取的心电动力学数据、心电非线性系统动态图、预处理的心电非线性系统动态图、截取的心电非线性系统动态图、心电动力学图、预处理的心电动力学图或截取的心电动力学图;预处理的心电动力学图包括但不限于压缩的心电动力学图、改变对比度的心电动力学图、或放大的心电动力学图等;截取

的心电动力学图包括但不限于存在于心电动力学图上任意大小和任意形状的一部分。截取的心电动力学数据,包括但不限于:存在于心电动力学数据上任意大小的一部分的数据。

[0040] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的心电动力学数据包括但不限于:心电动力学数据(包括但不限于P波、和/或R波、和/或QRS波群、和/或S波、和/或T波、和/或U波、和/或PR段、和/或ST段、和/或PR间期、和/或ST间期、和/或QT间期等的心电动力学数据信息)、预处理的心电动力学数据(包括但不限于P波、和/或R波、和/或QRS波群、和/或S波、和/或T波、和/或U波、和/或PR段、和/或ST段、和/或PR间期、和/或ST间期、和/或QT间期等的心电动力学数据信息)、心电动力学数据、预处理的心电动力学数据或截取的心电动力学数据。心电动力学数据是指将心电向量数据经过(或不经过)波、段或间期的截取后,然后通过自适应系统系统辨识方法而获取的单维度数据或多维度数据。截取的心电动力学数据,包括但不限于:存在于心电动力学数据上任意大小的一部分的数据。

[0041] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的所述的非线性动力学方法包括但不限于混沌综合、混沌分析等;具体地,所述的非线性动力学方法包括但不限于相平面图、功率谱、庞加莱截面、散点图、复杂度、熵、李雅普诺夫指数、最大李雅普诺夫指数、分维数、相空间重构、非稳定周期轨道、符号动力学、混沌学特征中的一种或几种。

[0042] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的人体生物电信号非线性系统动态数据的数据特征的量化指标包括但不限于能表现出人体健康状况的非线性系统动态数据在空间分布和时间推演过程中的不均匀性和(或)复杂性的指标。

[0043] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征包括但不限于心电信号混沌特征(或肌电信号混沌特征、或脑电信号混沌特征、或胃电信号混沌特征、或眼电信号混沌特征、或视网膜电信号混沌特征)、心电向量数据混沌特征、心电动力学数据混沌特征。所述的心电信号混沌特征(或肌电信号特征、或脑电信号特征)包括但不限于从心电数据(或肌电信号、或脑电信号、或胃电信号、或眼电信号、或视网膜电信号)中提取的混沌特征。所述的心电向量数据混沌特征包括但不限于从心电向量数据中提取的混沌特征;所述的心电动力学数据混沌特征包括但不限于从心电动力学数据中提取的混沌特征。

[0044] 在本发明中,如果没有特别的说明,本文所提到的混沌特征包括但不限于复杂度、熵、李雅普诺夫指数、分维数、相平面图、功率谱、庞加莱截面、散点图、关联维、李雅普诺夫指数和最大李雅普诺夫指数中的一种或几种;本文所提到的熵优选为信息熵、小波熵、样本熵和近似熵中的一种或几种;本文所提到的复杂度优选为 C_0 复杂度、Kolmogorov复杂度和LZ复杂度中的一种或几种。

[0045] 下面结合具体实施例对本发明的优选实施方式进行进一步的详细论述,以便于更深刻而准确地理解本发明。但是需要指出的是,以下的具体实施例仅仅是用于举例说明的目的,不会对本发明的保护范围构成任何限制,本发明的范围仅仅由权利要求书限定。

[0046] 实施例1.人体生物电信号非线性系统动态数据的采集

[0047] 一、心电信号的获取

[0048] 1.心电数据的采集

[0049] 采集纳入 n 个临床已知心脏健康个体($n>20$)以及 m 个临床已知某种心脏疾病个体($m>20$)的心电数据,作为实验数据。采用心脏疾病的金标准指标的指标数据以及专家共识

作为实验数据的标签。

[0050] 2.数据的预处理

[0051] 对获得的实验数据进行滤波或归一化等预处理,根据不同的数据要求进行数据加工,获得符合要求的样本数据;譬如,对于心肌缺血患者的样本数据,要求采集的样本数据是10s的心电数据,10s的心电数据的时间处理需满足心电数据通用的规范性要求;心电数据的预处理还包括常规滤波操作,以使随后的操作充分稳定和可靠,使用何种滤波方法并不影响本发明方法的有效性;心电数据的预处理还包括基线漂移等方面的预处理,由于是本领域的常见技术,在此不再赘述。

[0052] 二、心电向量数据的获取

[0053] 心电向量数据的获取方法,具体操作方法为:对采集得到心电数据 $e(t)$, $e \in \mathbb{R}^n$, n 为正整数, $t=1, 2, \dots, T$, 然后进行转换,获得多维度心电向量数据;转换方法采用Kors J.A.和Van H.G.等在1990年发表在European Heart Journal杂志的11(12):1083-1092的论文所述方法,获得对应的心电向量数据 $X(t)$ 、 $Y(t)$ 和 $Z(t)$ 。

[0054] 三、心电动力学数据的获取

[0055] 将前述的多维度心电向量数据,通过自适应系统辨识的方法获得多维度心电非线性系统动态模型。在此处,发明人构建了三维心电非线性系统动态模型: $[\bar{W}_1^T S(X(t)), \bar{W}_2^T S(Y(t)), \bar{W}_3^T S(Z(t))]$;其中, $S(X(t))$ 、 $S(Y(t))$ 和 $S(Z(t))$ 都是高斯径向基函数; $\bar{W}_1^T$ 、 $\bar{W}_2^T$ 和 $\bar{W}_3^T$ 是通过常值神经网络的权重向量;对于自适应系统辨识方法,采用的是高斯径向基函数神经网络建模的方法。将待测人员的心电向量数据输入到三维心电非线性系统动态模型中,得到三维心电动力学数据,即:心电非线性系统动态数据的一种。

[0056] 四、其它人体生物电信号非线性系统动态数据的采集

[0057] 分别采集纳入 n 个临床已知健康个体($n>60$)以及 m 个临床已知某种人体疾病个体($m>60$)的人体生物电信号,即:脑电信号、肌电信号、胃电信号、视网膜电信号或眼电信号,作为实验数据。采用人体疾病的专家共识作为实验数据的标签。

[0058] 将采集的所述实验数据进行多维转换(转换方法为对不同维度的所述实验数据赋以0~1的权值,获取适应特定人体疾病或健康状况的多维度的人体生物电向量数据,所述的转换方法包括但不限于Kors J.A.和Van H.G.等在1990年发表在European Heart Journal杂志的11(12):1083-1092的论文所述方法和/或牟华英2009年论文“用主成分分析和Fisher准则的脑电信号分类”和/或周敬亮2016年硕士论文“基于FPGA的脑电动力学建模及仿真研究”所述方法),获得人体生物电向量数据 $V_i(t)$,通过自适应性系统辨识方法获取人体生物电向量数据 $V_i(t)$ 的动态模型。在这里所述的自适应性系统辨识方法为RBF神经网络建模的方法,采用动态RBF神经网络构造神经网络辨识器 $\hat{v}_i(k+1) = a_i(\hat{v}_i(k) - v_i(k)) + \bar{W}_i^T S(V(k))$, $i = 1, \dots, n$,对人体生物电信号内在系统动态 $F_{ST} = (f_1(V(k)), f_2(V(k)), f_3(V(k)), \dots, f_i(V(k)))$ 进行局部准确神经网络逼近,其中 a_i 是设计的常数,满足 $0 < |a_i| < 1$, $\hat{v}_i(k)$ 为神经网络辨识器的状态, $e_i(k) = \hat{v}_i(k) - v_i(k)$ 为状态误差, $S(V(k)) = [S_1(|V(k) - \xi_1|), \dots, S_N(|V(k) - \xi_N|)]^T$ 是高斯径向基函数, $N>1$ 是神经网络节点数目, ξ_j ($j=1, \dots, N$)是神经元中心点。根据李雅普诺夫稳定性定理及确定学习理论来设计合理的RBF神经网络权值

的调节律 $\widehat{W}_i(k+1) = \widehat{W}_i(k) - \frac{\alpha P(e_i(k) - a_i e_i(k-1))S(V(k-1))}{1 + \lambda_{\max}(P)S^T(V(k-1))S(V(k-1))}$, $i = 1, \dots, n$, 其中, α 是设计参数, 满足 $0 < \alpha < 2$, $P = P^T > 0$, $\lambda_{\max}(P)$ 表示设计矩阵 P 的最大特征值, 动态RBF神经网络的权值 $\widehat{W}_i(k)$ 的初始值 $\widehat{W}_i(0) = 0$, 使得沿着海量时态数据的空间回归轨迹的神经元权值收敛到最优值; 最终得到人体生物电信号非线性系统动态数据 $(W_1^T S(V(k)), W_2^T S(V(k)), W_3^T S(V(k)), \dots, W_i^T S(V(k)))$ 。

[0059] 实施例2. 人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征的提取

[0060] 本实施例提供一种人体生物电信号数据特征的提取方法, 其详细地对人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征的提取进行说明。

[0061] 本实施例所述混沌特征的提取即是计算人体生物电信号非线性系统动态数据特征, 包括如下几个步骤:

[0062] 将实施例1获取的多维度人体生物电信号非线性系统动态数据分别进行非线性动力学分析, 通过复杂度、熵、相平面法、李雅普诺夫指数(或最大李雅普诺夫指数)、分维数、相平面图、功率谱分析、庞加莱截面、散点图、符号动力学分析等方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征, 主要通过以下方法进行:

[0063] 一、复杂度的提取方法

[0064] 根据实施例1所述的方法, 得到人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$, $t = 1, 2, \dots, T$, 其中, T 表示时刻 T ; 计算人体生物电信号非线性系统动态数据每一维度 $x_i(t)$ ($x_i \in \mathbb{R}^1$, $t = 1, 2, \dots, T$, $i = 1, 2, 3$) 的傅里叶变换序列: $F_i(j) = \frac{1}{T} \sum_{t=1}^T x(t) e^{-2\pi i \frac{tj}{T}}$, $j = 1, 2, \dots, T$, 其中 $i = \sqrt{-1}$ 是虚数单位, 记 $\{F_i(j), j = 1, 2, \dots, T\}$ 的均方值为 $G_i = \frac{1}{T} \sum_{j=1}^T |F_i(j)|^2$, 记 $\tilde{F}_i(j) = \begin{cases} F_i(j) & (|F_i(j)|^2 > G_i) \\ 0 & (|F_i(j)|^2 < G_i) \end{cases}$; 其中, $\mathbb{R}^1$ 表示一维实数空间。

[0065] 对 $\{\tilde{F}_i(j), j = 1, 2, \dots, T\}$ 做傅里叶逆变换 $\tilde{f}_i(t) = \sum_{j=1}^T \tilde{F}_i(j) e^{2\pi i \frac{tj}{T}}$, $j = 1, 2, \dots, T$ 。定义 C_0 复杂度为该维度非线性动力学指标:

[0066] $C_0(i) = \frac{\sum_{t=1}^T |f(t) - \tilde{f}(t)|^2}{\sum_{t=1}^T |f(t)|^2}$, $i = 1, 2, 3$;

[0067] 其中, $f(t)$ 表示非线性动态数据序列。

[0068] 通过几何平均的方法把每一维度的非线性动力学指标 $C_0(i)$, $i = 1, 2, 3$ 综合成为人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$ 的非线性动力学离散量化指标, 记为 $\sqrt[3]{\sum_{i=1}^3 C_0^2(i)}$,

用以刻画人体生物电信号非线性系统动态数据序列的复杂程度及随机程度。

[0069] 二、熵的提取方法

[0070] 根据实施例1所述的方法, 获取人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$, $t = 1, 2, \dots, T$, 对每一维度的人体生物电信号非线性系统动态数据 $x_i(t)$, $x_i \in \mathbb{R}^1$, $t = 1, 2, \dots, T$, $i = 1, 2, 3$, 其中, T 表示时刻 T ; 先按照顺序组成2维矢量, 有 $X_i(t) = \{x_i(t), x_i(t+1)\}$, $t = 1, 2, \dots, T-1$, $i = 1, 2, 3$ 。定义 $X_i(t)$ 和 $X_i(k)$ 的距离为两矢量中对应元素的差值中的最大值, 记为 $d[X_i(t), X_i(k)]$ 。设定一个阈值 r , 对每个 t 值统计 $d[X_i(t), X_i(k)] < r$ 的个数及此数目与总

矢量个数的比值,记为 $C_0^2(i)$,进一步求得 $\phi^2(i) = \frac{1}{T-1} \sum_{t=1}^{T-1} \ln C_t^2(i)$;重复上述过程,得到 $\phi^3(i) = \frac{1}{T-2} \sum_{t=1}^{T-1} \ln C_t^3(i)$ 。近似熵 $ApEn(i) = \phi^2(i) - \phi^3(i)$ 。通过几何平均的方法把每一维度的数据特征 $ApEn(i)$, $i=1,2,3$,综合成为人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$ 的量化特征,记为 $\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^3 ApEn^2(i)}{3}}$,用以刻画了人体生物电信号非线性系统动态数据序列的混乱程度。

[0071] 三、李雅普诺夫指数的提取方法

[0072] 首先对人体生物电信号非线性系统动态数据按照时间顺序求得各数据点的一类指数变化率:

[0073] (i) 获取人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$, $t=1,2,\dots,T$,其中, T 表示时刻 T ;标记与当前第 k 个人体生物电信号非线性系统动态数据点 $x(k)$ (简化记为 x_k) 空间距离最近的 α_1 个点,把该点集记为临近点集 x_{k_i} , $i=1,2,\dots,I_k$, I_k 为第 k 步临近点集的元素总数,并且 $I_k \leq \alpha_1$ 。记该点集与当前轨迹点 x_k 的距离集为初始距离集 $d1_{k_i} = \|x_k - x_{k_i}\|_2$, $i=1,2,\dots,I_k$ 。

[0074] (ii) 把当前轨迹点 x_k 和临近点集的时间往前增加 Δ 步,从而计算结束距离集记为 $d2_{k_i} = \|x_{k+\Delta} - x_{k_i+\Delta}\|_2$, $i=1,2,\dots,I_k$, $\Delta \in N$ 。

[0075] (iii) 对初始距离集以及结束距离集的每一对应项进行对数运算记为 δ_{k_i} , $i=1,2,\dots,I_k$,所得到的指数变化率 δ_{k_i} 为指数增长系数集。

[0076] 然后对所有数据点的指数变化率采用一类非负平均的方法来整合成一个量化指标进行李雅普诺夫指数的表征:

[0077] 取出当前第 k 步的非负增长系数集记为 δ_{k_j} , $j \in \{i | \delta_{k_i} > 0, i=1,2,\dots,I_k\}$,把 j 的最大值记为 J_k ;然后计算当前李雅普诺夫指数的系数记为 $\phi_k = \frac{\sum_{j=1}^{J_k} \delta_{k_j}}{J_k}$;最后进行所有步的平均运算作为李雅普诺夫指数的量化特征,记为 $\frac{\sum_{t=1}^T \phi_t}{T}$ 。

[0078] 四、分维数的获取方法

[0079] 首先,获取 k 个人体生物电信号非线性系统动态数据点 $\{x(1), x(2), \dots, x(k)\}$,设置嵌入维数为 m ,时间延迟为 τ ,可以得到该参数下重构的相空间 $X_i = (u_i, u_{i+\tau}, \dots, u_{i+(m-1)\tau})$,其中 $i=1,2,\dots,k-(m-1)\tau$ 。相空间重构之后得到 $k-(m-1)\tau$ 个 m 维向量。对重构的相空间向量 X_i ,计算关联指数 $C(r) = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k H\{r - \|X_i - X_j\|\}$,式中 H 为Heaviside函数,其定义为 $H(x) = \begin{cases} 0 & (x \leq 0) \\ 1 & (x > 0) \end{cases}$, i, j 表示向量编号, r 表示两向量间距离, $\|X_i - X_j\|$ 表示两相点 X_i 和 X_j

的距离; $C(r)$ 表示相空间中两点之间距离小于 r 的概率;最终分维数为 $F \approx \frac{\ln C(r)}{r}$ 。 F 的值越大,系统越复杂,越趋向于患者; F 的值越小,系统越简单,越趋向于健康人。

[0080] 五、相平面分析方法

[0081] 通过相平面分析方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的相平面特征,通过以下步骤进行操作:

[0082] 获取 t 个人体生物电信号非线性系统动态数据点 $\{x(1), x(2), \dots, x(t)\}$, 设置嵌入维数为 F ; 时间延迟为 τ ; 得到该参数下重构的相空间 $X_i = (x_i, x_{i+\tau}, \dots, x_{i+(F-1)\tau})$, 其中 $i=1, 2, \dots, k-(F-1)\tau$; 相空间重构之后得到 $k-(m-1)\tau$ 个 F 维向量, F 的获取方法, 通过前述的分维数的获取方法得到, 最终得到相平面图。对于心电非线性系统动态数据, F 优选为3, τ 优选为6。分别采集正常人和特定人体疾病病人的相平面图, 对不同的相平面图赋以不同的量化值0~10, 用以反映疾病的严重程度: 0为健康人, 10为特定疾病重度患者。

[0083] 六、功率谱分析方法

[0084] 通过功率谱分析方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的功率谱特征, 具体通过以下步骤进行:

[0085] 步骤1: 通过既定的公认有效的快速傅里叶变换方法分别将每一维度的人体生物电信号非线性系统动态数据 $x_i(t)$, $x_i \in \mathbb{R}^1$, $t=1, 2, \dots, T$, $i=1, 2, 3$ 转化成频域信息 $f_i(n)$, $f \in \mathbb{R}^3$, $n=1, 2, \dots, N$, $i=1, 2, 3$, N 为采样频率;

[0086] 步骤2: 将步骤1获取的 $f_i(n)$ 进行功率谱分析:

$$[0087] \quad \hat{P}(n) = \frac{1}{N} |f_i(n)|^2$$

[0088] 步骤3: 分别采集正常人和特定人体疾病病人的功率谱特征获取特定人体疾病检测阈值。

[0089] 步骤4: 对不同的功率谱图赋以不同的量化值0~10, 用以反映疾病的严重程度: 0为健康人, 10为特定疾病重度患者。

[0090] 七、庞加莱截面方法

[0091] 通过庞加莱截面方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的庞加莱截面特征, 通过以下步骤进行操作:

[0092] 步骤1: 把原始的人体生物电信号数据 $e(t)$, $t=1, 2, \dots, T$ 转化成人体的生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$, $t=1, 2, \dots, T$; 其中, T 表示时刻 T 。

[0093] 步骤2: 对输入时间序列 $S = [S_1, S_2, \dots, S_N]$ 进行状态空间重构, 首先选定两个参数 J 和 M , $5 \leq M \leq 30$, J 为 $[S_1, S_2, \dots, S_N]$ 的自相关函数第一次下降到最大值的 $1/e$ 时对应的时刻, 再任意选取 L 个满足 $1 \leq t(1) < t(2) < \dots < t(L) \leq N - (M-1)J$ 的正整数 $\{t(i) \mid i=1, 2, \dots, L\}$, 令 $X_i = [S_{t(i)}, S_{t(i)+J}, \dots, S_{t(i)+(M-1)J}]^T$, 则称 $[X_1, X_2, \dots, X_L]$ 或 $\{X_1, X_2, \dots, X_L\}$ 为时间序列 S 的一个状态空间重构, $\{X_1, X_2, \dots, X_L\}$ 可以看作 M 维空间的一个点集合或流形, $[X_1, X_2, \dots, X_L]$ 可以看作 M 维空间的一个轨迹; 以上状态空间重构也可以以行向量的形式实现, 即令 $X_i = [S_{t(i)}, S_{t(i)+J}, \dots, S_{t(i)+(M-1)J}]$, $i=1, 2, \dots, L$;

[0094] 步骤3: 对重构的流形进行方向归一化, 根据流形在各个方向上分布的特点定出基准方向, 参照基准方向对流形进行坐标变换; 采用主元分析法定出基准方向, 令 $X = [X_1, X_2, \dots, X_L]$, X 是一个 $M \times L$ 维的矩阵, 计算 XX^T 的 M 个特征值, 并按从大到小的顺序排列得到 $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_M$, 这 M 个矩阵特征值对应的矩阵 XX^T 的特征向量 $\{U_1, U_2, \dots, U_M\}$ 作为主轴, 令 $U = [U_1, U_2, \dots, U_M]$, 利用 $Y = U^T X$ 对 X 进行坐标变换, 得到新的坐标 Y , Y 对应经过方向归一化的流形。

[0095] 步骤4:对重构的流形进行位置归一化:根据流形的形状和结构特点确定基准点,参照基准点对流形进行平移操作;计算各坐标轴上各点坐标的算术平均值作为对流形进行平移操作的基准点,基准点的计算方法为 $\bar{Y} = \frac{1}{L} \sum_{i=1}^L Y_i$,这里 $\{Y_i | i=1, 2, \dots, L\}$ 是整个流形包含的点,将所有点的坐标减去 $\bar{Y}$ 就完成了流形的平移操作,即令 $Y_j \leftarrow Y_j - \bar{Y}$,这里 $j=1, 2, \dots, L$ 。

[0096] 步骤5:截取重构的流形的一些局部区域;构造一对与主轴 U_i 垂直的超平面(即Poincare截面),设这两个Poincare截面与 U_i 轴的交点在 U_i 轴上的坐标值分别为 Y_{01} 和 Y_{02} ,求落入这两个Poincare截面之间的轨迹上的点,具体计算方法是:如果轨迹 $[Y_1, Y_2, \dots, Y_L]$ 的第 j 个点 $Y_j = [Y_{j1}, Y_{j2}, \dots, Y_{jM}]$ 的第 i 个坐标值满足 $\min\{Y_{01}, Y_{02}\} \leq Y_{ji} \leq \max\{Y_{01}, Y_{02}\}$,则判定 Y_j 为落入两个Poincare截面之间的点,构造若干对垂直于各个主轴的Poincare截面,再按照上述计算方法求出落入每对Poincare截面之间的点,落入每对Poincare截面之间的点构成一个点集合,这个点集合即为所求的局部流形。

[0097] 步骤6:对截取的局部流形或轨迹进行统计量的计算,把计算得到的统计量作为输入的人体生物电信号非线性系统动态数据的特征。分别对每个局部流形对应的点集合进行主元分析,把所述的各个点集合经过主元分析得到的矩阵特征值作为人体生物电信号非线性系统动态数据的特征。

[0098] 步骤7:对不同的矩阵特征值赋以不同的量化值0~10,用以反映疾病的严重程度:0为健康人,10为特定疾病重度患者。

[0099] 八、散点图方法

[0100] 通过散点图方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的散点图特征,通过以下步骤进行操作:

[0101] 步骤1:把原始的人体生物电信号 $e(t)$, $t=1, 2, \dots, T$ 转化成人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$, $t=1, 2, \dots, T$;其中, R^{12} 表示十二维实数空间, T 表示时刻 T , R^3 表示三维实数空间。

[0102] 步骤2:获取人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$ 的周期 k ,针对具有 k 个周期的人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$,第 i 个周期的数据记为 $x_i(t)$, $t=1, 2, \dots, T/K$; $i=1, 2, \dots, K$;以 (M_i, M_{i+1}, M_{i+2}) 作为三维坐标系中的 x 轴、 y 轴和 z 轴坐标,并使用迭代算法对所有周期的数据 $x_i(t)$ 进行描记形成三维散点图, M_i 代表第 i 个周期的数据 $x_i(t)$ 的长度。

[0103] 步骤3:利用最近邻接点迭代搜索算法,找出各自独立的吸引子,并以不同的色彩进行标记。最近邻接点定义为3维空间中的2点间的距离小于50ms。如果搜索结果子图区域过多,则隐藏 X 轴、 Y 轴和 Z 轴均小于40ms的零碎区域。

[0104] 步骤4:分别采集正常人和特定人体疾病病人的三维散点图,重复步骤2和3,实现正常人和特定人体疾病病人三维散点图的分类;并对不同的三维散点图赋以不同的量化值0~10,用以反映疾病的严重程度:0为健康人,10为特定疾病重度患者。

[0105] 九、符号动力学方法

[0106] 通过散点图方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的符号动力学特征,通过以下步骤进行操作:

[0107] 步骤1:获取前述的三维散点图后,并用相互平行的 $M-1$ 个平面对三维散点图进行

分区,分区数量为M,令各分区的区号为 $m=0\sim M-1$,分区按过原点的那个平面对称,相邻平行平面之间的分区的宽度,从后至前依次为 $D_1, D_2, \dots, D_{M-2}$;优选地,相邻两个平行平面之间的分区的宽度相等。

[0108] 步骤2:依照各散点相应 $x_i(t)$ 的顺序,将各散点以该散点所在分区的区号组成序列,如得到序列: $\dots 0, 2, 3, 4, 1, 2, 1, 3, 1, 4, 2, 2, 1, 3, 2, 1, 0, 0, 3, 1, 2, 3, 2, 1, 2, 1, 3, 0, 0 \dots$ 然后将每q位看做一个M进制编码,后一个编码与前一个编码有j位重叠,且j小于q;进行编码后,将原序列转化为一个由若干个q位M进制编码组成的新序列;然后将每个M进制编码转化为十进制数,得到一个十进制序列;优选地, $j=1$;

[0109] 步骤3:计算 $x_i(t)$ 的信息熵:由于所述十进制序列由一系列q位M进制数转化而来,因此得到的十进制序列中所有的数值均在 $0-(M^q-1)$ 之间;计算 $0-(M^q-1)$ 之间的所有数在该序列中出现的概率,利用下式计算该序列的信息熵:

[0110] $H = -\sum_{i=1}^a p_i \log p_i$, 其中, p_i 是第i个数值出现的概率;a是可能出现的数值总个数,此处为 M^q 。

[0111] 步骤S3:分类:利用计算所得的信息熵值来构造特征向量(即符号动力熵值),进行人体生物电信号非线性系统动态数据 $x(t)$ 的分类。采用的分类器包括但不限于:Bayes分类器、BP神经网络分类器、自组织映射或支持向量机等。

[0112] 在本实施例中,所述的异质度分析方法包括但不限于频域分析方法、非线性动力学方法、时域分析方法、几何特征方法、时频分析方法和模型方法中的至少一种。

[0113] 在本实施例中,所述的分类方法主要是采用逻辑回归模型的方法进行。所述的逻辑回归模型包括但不限于线性回归模型、线性回归模型、多元非线性回归模型。

[0114] 实施例3.一种人体罹患心肌缺血风险的评估方法

[0115] 在本实施例,对于实施例2述及的人体生物电信号非线性系统动态数据的量化指标的检测与疾病辅助判定的准确性进行阐述。

[0116] 本实施例提供一种罹患心肌缺血风险的评估方法,包括如下两个步骤:

[0117] S1.获取心电动力学数据;

[0118] S2.采用实施例2所述的异质度分析的方法提取心电动力学数据的数据特征;

[0119] S3.获取心电动力学数据的数据特征的量化指标;

[0120] 其中,所述心电动力学数据的数据特征的量化指标 $H_i = ((a \times F_i - b \times N_i + c \times T_i) \div \ln(j_i)) - ((d \times G_i + e \times TF_i - f \times M_i) \div \ln(k_i)) + x \times PSS_i + y \times S_i + z \times SD_i$, C_i 为复杂度的量化值、 En_i 为熵的量化值、 L_i 为李雅普诺夫指数的量化值、 F_i 为分维数的量化值、 PP_i 为相平面图的量化值、 PS_i 为功率谱的量化值、 PSS_i 为庞加莱截面的量化值、 S_i 为散点图的量化值、 SD_i 为符号动力学的量化值, a, b, c, d, e, f, x, y 或 z 的取值为适应不同类型的人体健康状况而作出的适应性选择值, i 的取值为不小于1的正整数, j_i 或 k_i 的取值为 $-4 \sim 4$ 之间, $\ln()$ 为以e为底数的对数函数。

[0121] 对于心电动力学数据的数据特征的临界诊断值,通过以下方法获得:纳入N个临床已知心脏健康个体($N > 50$)以及M个临床已知心肌缺血个体($M > 100$)作为测试样本人群,采集测试样本人群的心电数据,获得心电动力学数据。通过实施例2所述的异质度分析的方法提取心电动力学数据的数据特征;然后获取所有个体的心电动力学数据的数据特征值,进行基于概率的统计学分类(何贤英,赵志,温兴煊,等.Logistic回归中连续型自变量离散化为

二分类变量时适宜分界点的确定.中国卫生统计,2015,32(2):275-277.)得到两类个体的临界值作为心电动力学数据的数据特征的临界诊断值。

[0122] 在确定心电动力学数据的数据特征的临界诊断值后,根据样本数据的心脏疾病标签,确定a、b、c、d、e、f、x、y或z的取值,进行心肌缺血的适应性诊断,得到如下表1的数据结果。发明人发现通过大量的实验和取值区间的大数据样本的训练,探索出有效的a、b、c、d、e、f、i、x、y、z、 j_i 、 k_i 的取值区间:a、b、c、d、e、f、x、y或z的取值为-3~3之间,i的取值为不小于1的正整数, j_i 或 k_i 的取值为-4~4之间, $\ln()$ 为以e为底数的对数函数,对早期筛查过程人体微弱信号的检测准确性的提高,具有较高的临床价值。根据对心肌缺血引起心脏疾病的数据特征的临床观察和大量的参数实验,发明人在前期参数取值区间的基础上,进一步赋予心肌缺血的数据特征的参数取值范围分别为:a的取值为0~0.1,b的取值为-0.9~0,c的取值为0~0.1,d的取值为0~0.1,e的取值为0~0.1,f的取值为-0.2~0;在此处,选择实验中发现较优的量化指标参数的取值:a为0.05,b为-0.6,c为0.1,d为0.1,e为0.05,f为-0.1,x、y或z为0.005, j_i 的取值都为3, k_i 的取值都为-3,i=3;从表1和2可看出,加了数据特征的参数取值后,人体疾病辅助判定的准确率有了明显的提高。

[0123] 表1.罹患心肌缺血风险的评估结果

编号	待查个体数	单指标确定心肌缺血	取值确定心肌缺血
	量	个体数量	个体数量
[0124]	Trial #1	120	95
	Trial #2	120	90
	Trial #3	200	146
	Trial #4	200	125
	Trial #5	160	130

[0125] 注:单一混沌特征的量化指标进行心肌缺血测定时,以单一混沌特征的量化指标所确定心肌缺血个体数量最高的数目为单指标确定心肌缺血个体数。单一混沌特征的量化指标选自:复杂度的量化值、熵的量化值、李雅普诺夫指数的量化值、分维数的量化值、相平面图的量化值、功率谱的量化值、庞加莱截面的量化值、散点图的量化值或符号动力学的量化值中一种。取值确定心肌缺血个体数量,是指采用优化的函数 $H_i = ((a \times F_i - b \times N_i + c \times T_i) \div \ln(j_i)) - ((d \times G_i + e \times TF_i - f \times M_i) \div \ln(k_i)) + x \times PSS_i + y \times S_i + z \times SD_i$ 确定待测人群中心肌缺血个体的数量。

[0126] 表2.罹患心肌缺血风险评估的准确率

编号	待查个体数量	单个指标准准确率	加取值指标准准确率
[0127]	Trial #1	120	84.8%
	Trial #2	120	84.1%
	Trial #3	200	85.9%
	Trial #4	200	83.3%
	Trial #5	160	86.7%

[0128] 注：在表2中，单指标准准确率，是指采用单一的混沌特征的量化指标进行心肌缺血测定的准确性。取值准确率，是指采用优化的函数 $H_i = ((a \times F_i - b \times N_i + c \times T_i) \div \ln(j_i)) - ((d \times G_i + e \times TF_i - f \times M_i) \div \ln(k_i)) + x \times PSS_i + y \times S_i + z \times SD_i$ 来确定待测人群中心肌缺血个体的准确性。

[0129] 在一些实施方式中，发明人发现通过使用心电动力学数据的数据特征的量化指标的机器学习算法模型 $H_i = ((a \times F_i - b \times N_i + c \times T_i) \div \ln(j_i)) - ((d \times G_i + e \times TF_i - f \times M_i) \div \ln(k_i)) + x \times PSS_i + y \times S_i + z \times SD_i$ ，可以更为全面地判定待测人员的心电动力学数据的数据特征信息，更为准确地挖掘出传统方法难以发现的心电数据蕴含的内在的微弱动态信息，可有效为心脏疾病的早期检测提供较为准确的参考信息，为医生进行人体心脏健康状况的精准判定提供便利。此外，发明人发现通过参数 j_i 和 k_i 的反复摸索，将 j_i 和 k_i 的取值限制在-4~4之间，可使得该机器学习算法模型的运算效率提高至少两倍。

[0130] 在一些实施方式中，发明人发现通过将待测人员的心电向量数据和心电非线性系统动态数据进行对应地叠加，形成人体生物电信号非线性系统动态数据 $V(x)$ ，可表示为： $V(x) = mV_1(x) + nV_2(x)$ ；其中 m 和 n 的值都为-1~1，所述的 $V_1(x)$ 包括心电向量数据；所述的 $V_2(x)$ 包括心电非线性系统动态数据。将得到人体生物电信号非线性系统动态数据 $V(x)$ 进行混沌特性分析，通过待测人员的医疗诊断结果进行验证，发现待测人员的混沌特性分析结果更贴近于医疗诊断结果；优选地， m 的取值为-1~-0.5或0.5~1， n 的取值为-0.5~0.5，当 m 和 n 的取值区间在该范围时，其混沌特性能更好反映待测人员的动态病理特性，可以将患者的疾病检测效果提高至少1.5倍，能反映出一些医生难以凭借经验或ECG所得到的动态病理特性。

[0131] 在一些实施方式中，发明人选择将 i 的取值区间设定为 $i = 1, 2, 3, \dots, N$ ， N 是不小于1的自然数。通过设定 i 的取值，来探索不同维度的人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特性。

[0132] 实施例4. 一种心脏异常的判定识别方法

[0133] 本实施例主要解决如何对心脏疾病风险进行判定识别的问题。本实施例提供一种心脏疾病风险的判别方法，具体为：如表3所示，采集待测人员周某的健康状况数据：心电动力学数据的复杂度的量化数值为0.0368、心电动力学数据熵的量化指标值为6.37、心电动力学数据李雅普诺夫指数的量化数值为0.23、心电动力学数据的分维数的量化值为3、心电动力学数据的相平面图的量化指标值为7.5、心电动力学数据的功率谱的量化值为8.2、心电动力学数据的庞加莱截面的量化值为7.3、心电动力学数据的散点图的量化值为6.9、心电动力学数据的符号动力学的量化值为2.4，计算待测人员健康状况的特征评估值 $H' = ((a^n \times C' - b^n \times En' + c^n \times L') \div \ln(j)) - ((d^n \times F' + e^n \times PP' - f^n \times PS') \div \ln(k)) + x^n \times PSS' + y^n \times S' + z \times SD'$ ， C' 为复杂度的量化值、 En' 为熵的量化值、 L' 为李雅普诺夫指数的量化值、 F' 为分维数的量化值、 PP' 为相平面图的量化值、 PS' 为功率谱的量化值、 PSS' 为庞加莱截面的量化值、 S' 为散点图的量化值、 SD' 为符号动力学的量化值， a 、 b 、 c 、 d 、 e 、 f 、 x 、 y 或 z 的取值为-3~3之间， n 的取值为偶数， j 和 k 的取值为-4~4之间， $\ln()$ 为以 e 为底数的对数函数；最终，将参数进行赋值： $n=2$ ， $a=1$ ， $b=-0.6$ ， $c=1$ ， $d=-0.01$ ， $e=-0.01$ ， $f=-0.01$ ， x 、 y 或 z 的取值都为0.01， j 和 k 的取值为4，得到周某的健康状况的特征评估值 $H' = -6.80254$ 。通过预设的心脏疾病特征评估值逻辑回归模型的阈值判定，周某有较大可能罹患心肌缺血，和医

生诊断结果一致。

[0134] 表3.心脏异常患者的信息

住院号	*****
姓名	周**
性别	女
年龄	55
主诉	反复发作性胸痛 2 年，加重 10 天
医院诊断	心肌缺血引发自发型心绞痛，高脂血症，返流性食管炎。 造影：LAD 近段 90%狭窄，于 LAD 处植入支架一枚。

[0136] 在本实施例中，发明人发现通过使用心电动力学数据的数据特征的量化指标的机器学习算法模型 $H' = ((a^n \times C' - b^n \times En' + c^n \times L') \div \ln(j)) - ((d^n \times F' + e^n \times PP' - f^n \times PS') \div \ln(k)) + x^n \times PSS' + y^n \times S' + z \times SD'$ ，可以进一步地挖掘出传统方法难以发现的心电数据蕴含的内在的微弱动态信息，提高了至少5%的诊断准确性。此外，发明人发现通过参数 a^n 、 b^n 、 c^n 、 d^n 、 e^n 和 f^n 的反复摸索，将 a 、 b 、 c 、 d 、 e 或 f 的取值限制在 $-3 \sim 3$ 之间， n 的取值为偶数，可使得该机器学习算法模型的运算效率提高至少1.4倍，可大幅提高大数据的运行效率和训练速度。

[0137] 进一步地，发明人探索发现，在前期判定的基础上，再分别组合上实施例2所述相平面图、功率谱图、庞加莱截面、散点图、符号动力学等方法进行心脏异常的判定识别，可进一步提升检测的准确性，对准确率的提高分别为至少10%、至少5%、至少12%、至少15%、至少6%。

[0138] 进一步地，发明人进行本实施例的实验过程中，采用的心电动力学数据选择了单维度数据或多维度的数据；所述的多维度的数据包括但不限于一维的心电动力学数据、二维的心电动力学数据、三维的心电动力学数据、四维的心电动力学数据、十二维的心电动力学数据、十八维的心电动力学数据或其它维度的心电动力学数据。此外，发明人发现采用的心电动力学数据可以是不限定维度数目的数据。

[0139] 实施例5.一种糖尿病人的早期判定识别方法

[0140] 本实施例主要解决如何对糖尿病风险进行判定识别的问题。本实施例提供一种糖尿病风险的判别方法，具体为：

[0141] 健康人和糖尿病人的数据特征的临界诊断值，通过以下方法获得：纳入 N 个临床已知健康个体 ($N > 50$) 以及 M 个临床已知糖尿病个体 ($M > 100$) 作为测试样本人群，采集测试样本人群的脑电数据，获得脑电动力学数据。通过实施例2所述的非线性动力学方法提取脑电动力学数据的数据特征；然后获取所有个体的脑电动力学数据的数据特征值，进行基于概率的统计学分类(何贤英,赵志,温兴煊,等.Logistic回归中连续型自变量离散化为二分类变量时适宜分界点的确定.中国卫生统计,2015,32(2):275-277.)得到预设的糖尿病风险评估逻辑回归模型。

[0142] 采集20例待测人员(10例糖尿病患者和10例健康人)的健康状况数据：健康人脑电信号的近似熵值接近0.65，糖尿病患者的近似熵值接近0.75，计算待测人员健康状况的特征评估值 $H' = ((a^n \times C' - b^n \times En' + c^n \times L') \div \ln(j)) - ((d^n \times F' + e^n \times PP' - f^n \times PS') \div \ln(k)) + x^n \times PSS' + y^n \times S' + z \times SD'$ ， C' 为复杂度的量化值、 En' 为熵的量化值、 L' 为李雅普诺夫指数的

量化值、 F' 为分维数的量化值、 PP' 为相平面图的量化值、 PS' 为功率谱的量化值、 PSS' 为庞加莱截面的量化值、 S' 为散点图的量化值、 SD' 为符号动力学的量化值, a 、 b 、 c 、 d 、 e 、 f 、 x 、 y 或 z 的取值为 $-3 \sim 3$ 之间, j 和 k 的取值为 $-4 \sim 4$ 之间, $\ln()$ 为以 e 为底数的对数函数, C' 、 En' 、 L' 、 F' 、 PP' 、 PS' 、 PSS' 、 S' 、 SD' 的取值包括进行归一化预处理后的数值, $x \ln()$ 为以 e 为底数的对数函数; 最终, 经实验将参数进行赋值: a 、 c 、 d 、 e 、 f 分别赋值为1, n 赋值为1, b 赋值为-1, x 、 y 、 z 分别赋值为0.5, j 和 k 赋值为3, 得到10例糖尿病患者的健康状况的特征评估值接近1.18, 10例健康人的健康状况的特征评估值接近1.09, 将待测人员的健康状况的特征评估值输入到预设的糖尿病风险评估逻辑回归模型中进行阈值判定, 得到10例糖尿病患者的评估结果为糖尿病, 10例健康人的评估结果为健康人。

[0143] 虽然在本公开中已提供数个实施例, 但应理解所公开系统和方法可在不偏离本公开的精神或范围的情况下以许多其它特定形式体现。这些实例将视为的示例性而非限制性的, 并且并不旨在限于本文中给出的细节。例如, 各种元件或组件可组合或整合于另一系统中, 或者某些特征可省略或不实施。

[0144] 而且, 在各种实施例中描述且示出为分立或单独的技术、系统、子系统和方法可在不偏离本公开的范围的情况下与其它系统、模块、技术或方法组合或整合。示出或讨论为彼此直接耦合或通信的其它项可通过某一接口、设备或中间组件以电力方式、以机械方式或以其它方式间接耦合或通信。改变、替换和变更的其它实例可由所属领域的技术人员确定并且可在不偏离本文中所公开精神和范围的情况下作出。

专利名称(译)	一种人体生物电信号混沌特征的提取方法		
公开(公告)号	CN110363177A	公开(公告)日	2019-10-22
申请号	CN201910665759.4	申请日	2019-07-23
[标]发明人	徐赤坤		
发明人	徐赤坤		
IPC分类号	G06K9/00 A61B5/00 A61B5/04		
CPC分类号	A61B5/04 A61B5/7275 G06K9/00523 G06K9/00892		
外部链接	Espacenet SIPO		

摘要(译)

本发明公开了一种人体生物电信号混沌特征的提取方法，具体流程为：将人体生物电信号数据进行预处理，获取目标波段的信号数据；采用自适应性系统辨识方法对目标波段的信号数据进行建模，实现非线性系统的局部准确模型辨识，得到人体生物电信号非线性系统动态数据；接着采用非线性动力学方法提取人体生物电信号非线性系统动态数据的混沌特征，接着获取混沌特征对应的量化指标数据，并构建特定人体疾病风险评估模型，最后实现对待测人员罹患特定人体疾病风险的评估。本发明所述的提取方法可挖掘出人体生物电信号非线性非线性系统动态数据中丰富的混沌特征及相应的量化指标阈值，为待测人员罹患人体疾病的风险提供了一种新的评估方法。

$$C_0(i) = \frac{\sum_{t=1}^T |f(t) - \tilde{f}(t)|^2}{\sum_{t=1}^T |f(t)|^2}, \quad i=1,2,3;$$