



(12)发明专利申请

(10)申请公布号 CN 111374639 A

(43)申请公布日 2020.07.07

(21)申请号 201911025127.8

A61B 5/0205(2006.01)

(22)申请日 2019.10.25

A61B 5/01(2006.01)

(30)优先权数据

108129894 2019.08.21 TW

62/785,699 2018.12.28 US

(71)申请人 陈柏龄

地址 中国台湾台南市北区文成三路189号

(72)发明人 陈柏龄 蔡承谕 吕秉泽 舒宇宸

柯乃燊 叶俊吟 柯文谦 庄坤达

高宏宇

(74)专利代理机构 北京律诚同业知识产权代理

有限公司 11006

代理人 徐金国

(51)Int.Cl.

A61B 5/00(2006.01)

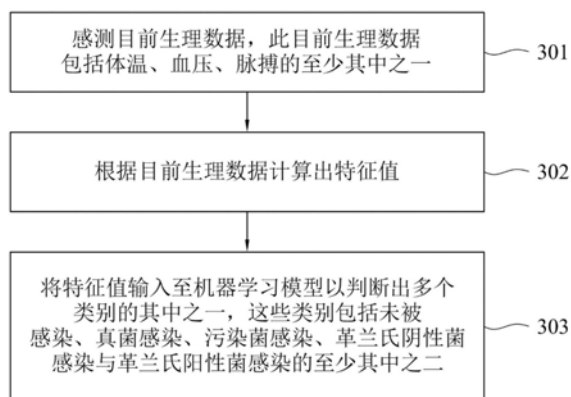
权利要求书2页 说明书5页 附图3页

(54)发明名称

败血症的菌种预测系统与方法

(57)摘要

本发明提出一种败血症的菌种预测系统,包括传感器与处理器。传感器用以感测目前生理数据,此目前生理数据包括体温、血压、脉搏的至少其中之一。处理器用以根据目前生理数据计算出特征值,并将特征值输入至机器学习模型以判断出多个类别的其中之一,这些类别包括未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染的至少其中之一。借此,可以自动化地判断败血症的菌种。



1. 一种败血症的菌种预测系统,其特征在于,包括:

至少一传感器,用以感测至少一目前生理数据,其中该至少一目前生理数据包括体温、血压、脉搏的至少其中之一:

一处理器,用以根据每一该至少一目前生理数据计算出至少一特征值,并将该至少一特征值输入至一机器学习模型以判断出多个类别的其中之一,其中该些类别包括未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染的至少其中之二。

2. 根据权利要求1所述的菌种预测系统,其特征在于,其中对于每一该些目前生理数据,该处理器用以执行多个步骤:

取得随时间变化的一健康生理数据;

计算该健康生理数据的平均值以作为一健康平均值;

计算该健康生理数据的变异数以作为一健康变异数;

计算该目前生理数据的变异数以作为一目前变异数;

计算该目前生理数据相对于该健康平均值的一变异数以作为一参照变异数;

将该参照变异数除以该健康变异数以作为一第一特征值;以及

将该目前变异数除以该健康变异数以作为一第二特征值。

3. 根据权利要求2所述的菌种预测系统,其特征在于,其中该参照变异数是根据以下方程式(1)所计算:

$$\frac{\sum(X_{\text{current}} - \mu_{\text{health}})^2}{\#_{\text{current}}} \quad (1)$$

其中 X_{current} 为该目前生理数据中的数值, μ_{health} 为该健康平均值, $\#_{\text{current}}$ 为该目前生理数据的取样数目。

4. 根据权利要求1所述的菌种预测系统,其特征在于,其中该至少一传感器包括一重力传感器,该处理器用以根据该重力传感器所感测的信号判断一用户是否为静止,并在该使用者静止时取得该至少一目前生理数据。

5. 根据权利要求1所述的菌种预测系统,其特征在于,其中该机器学习模型为一随机森林算法。

6. 一种败血症的菌种预测方法,适用于一处理器,其特征在于,其中该菌种预测方法包括:

通过至少一传感器感测至少一目前生理数据,其中该至少一目前生理数据包括体温、血压、脉搏的至少其中之一:

根据每一该至少一目前生理数据计算出至少一特征值;以及

将该至少一特征值输入至一机器学习模型以判断出多个类别的其中之一,其中该些类别包括未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染的至少其中之二。

7. 根据权利要求6所述的菌种预测方法,其特征在于,其中根据每一该至少一目前生理数据计算出至少一特征值的步骤包括:

取得随时间变化的一健康生理数据;

计算该健康生理数据的平均值以作为一健康平均值;

计算该健康生理数据的变异数以作为一健康变异数；
计算该目前生理数据的变异数以作为一目前变异数；
计算该目前生理数据相对于该健康平均值的变异数以作为一参照变异数；
将该参照变异数除以该健康变异数以作为一第一特征值；以及
将该目前变异数除以该健康变异数以作为一第二特征值。

8. 根据权利要求7所述的菌种预测方法,其特征在于,其中该参照变异数是根据以下方程式(1)所计算:

$$\frac{\sum(X_{\text{current}} - \mu_{\text{health}})^2}{\#_{\text{current}}} \quad (1)$$

其中 X_{current} 为该目前生理数据中的数值, μ_{health} 为该健康平均值, $\#_{\text{current}}$ 为该目前生理数据的取样数目。

9. 根据权利要求6所述的菌种预测方法,其特征在于,还包括:

用以根据一重力传感器所感测的信号判断一用户是否为静止,并在该使用者静止时取得该至少一目前生理数据。

10. 根据权利要求6所述的菌种预测方法,其特征在于,其中该机器学习模型为一随机森林算法。

败血症的菌种预测系统与方法

技术领域

[0001] 本发明涉及一种败血症的菌种预测系统与方法,可以在病原菌培养结果出炉前预测出病原菌的种类。

背景技术

[0002] 败血症是住院病人最主要的死因,实时给予有效的抗生素可以减少败血症病人的死亡率,然而在病原菌培养结果出炉前目前没有一个正确预测感染病原菌的检验方法,因此临床医师通常在没有依据之下根据个人的判断给予病人抗生素,因此如何在病原菌培养结果出炉前能够判断出病人是否受到感染以及受何种病原菌感染,为此领域技术人员所关心的议题。

发明内容

[0003] 为了解决上述问题,本发明的实施例提出一种败血症的菌种预测系统与方法,可以自动化地判断败血症的菌种。

[0004] 本发明的实施例提出一种败血症的菌种预测系统,包括传感器与处理器。传感器用以感测目前生理数据,此目前生理数据包括体温、血压、脉搏的至少其中之一。处理器用以根据目前生理数据计算出特征值,并将特征值输入至机器学习模型以判断出多个类别的其中之一,这些类别包括未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染的至少其中之一。

[0005] 在一些实施例中,对于每一笔目前生理数据,处理器用以执行多个步骤:取得随时间变化的一健康生理数据;计算健康生理数据的平均值以作为一健康平均值;计算健康生理数据的变异数以作为一健康变异数;计算目前生理数据的变异数以作为一目前变异数;计算目前生理数据相对于健康平均值的变异数以作为一参照变异数;将参照变异数除以健康变异数以作为第一特征值;以及将目前变异数除以健康变异数以作为第二特征值。

[0006] 在一些实施例中,参照变异数是根据以下方程式(1)所计算,其中 $X_{current}$ 为目前生理数据中的数值, μ_{health} 为健康平均值,#current为目前生理数据的取样数目。

$$[0007] \quad \frac{\sum(X_{current} - \mu_{health})^2}{\#current} \quad (1)$$

[0008] 在一些实施例中,上述的传感器包括重力传感器,处理器用以根据重力传感器所感测的信号判断用户是否为静止,并在使用者静止时取得至少目前生理数据。

[0009] 在一些实施例中,上述的机器学习模型为随机森林算法。

[0010] 以另一个角度来说,本发明的实施例提出一种败血症的菌种预测方法,包括:通过传感器感测目前生理数据,此目前生理数据包括体温、血压、脉搏的至少其中之一;根据目前生理数据计算出特征值,并将特征值输入至机器学习模型以判断出多个类别的其中之一,这些类别包括未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染的至少其中之一。

[0011] 为了让本发明的上述特征和优点能更明显易懂,下文特举实施例,并配合附图作详细说明如下。

附图说明

[0012] 图1是根据一实施例绘示败血症的菌种预测系统的示意图。

[0013] 图2是根据一实施例绘示分类流程图。

[0014] 图3是根据一实施例绘示败血症的菌种预测方法的流程图。

[0015] 其中,附图标记:

[0016] 100:菌种预测系统

[0017] 110:传感器

[0018] 120:处理器

[0019] 130:通信模块

[0020] 140:显示器

[0021] 201~205、301~303:步骤

具体实施方式

[0022] 关于本文中所使用的“第一”、“第二”等,并非特别指次序或顺位的意思,其仅为了区别以相同技术用语描述的元件或操作。

[0023] 图1是根据一实施例绘示败血症的菌种预测系统的示意图。请参照图1,菌种预测系统100包括了多个传感器110、处理器120、通信模块130与显示器140。传感器110可用以感测体温、血压(包括舒张压与收缩压)、脉搏、心律等生理数据,本领域具有通常知识者当可选用合适的传感器,例如用红外线温度器来感测体温等。处理器120可为中央处理器、微处理器、微控制器、信号处理器、特殊应用集成电路等。通信模块130可为有线或无线通信模块,用以与其他装置进行通信,例如通信模块130可以是具备通用串行总线(Universal Serial Bus,USB)、互联网、局域网络、广域网、蜂窝电话网络、近场通信、红外线通信、蓝牙、WiFi等通信功能的电路。显示器140可为液晶显示器、有机发光二极管显示器或其他合适的显示器。在此实施例中,传感器110用以感测至少一个目前生理数据,而处理器120用以根据目前生理数据计算出特征值,并将特征值输入至一机器学习模型以判断出多个类别的其中之一,这些类别可包括病毒感染、未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染等。在一些实施例中菌种预测系统100可实作为手环,用来带在病人的手上,但在其他实施例中菌种预测系统100也可以实作为任意形式的计算机或行动装置,本发明并不在此限。在其他实施例中菌种预测系统100也可以具备其他合适的装置,或者通信模块130与显示器140也可以省略。

[0024] 在此将详细说明如何判断出感染的种类。首先上述的体温、血压、脉搏、心律等生理数据都是随时间变化的信号,处理器120可以通过传感器110取得一段时间(例如数秒,本发明并不限制此时间长度)内的生理数据。举例来说,如果取样频率是60赫兹,则5秒钟的生理数据共会包括 $60 \times 5 = 300$ 笔数值,但本发明也不限制取样频率为何。以下为了清楚说明起见,将通过传感器110取得的生理数据称为目前生理数据。

[0025] 此外,处理器120也可以从数据库(未绘示)中取得对应至健康状态的体温、血压、

脉搏、心律等生理数据(亦称健康生理数据),这些健康生理数据是当人处于健康状态(例如未被感染)下通过传感器所量测的。这些健康生理数据也是随时间变化的信号,但本发明并不限制这些健康生理数据的长度为何,即不限制每笔健康生理数据包含几个数值。换言之,健康生理数据的长度可以不同于目前生理数据的长度。

[0026] 对于每一种生理数据(即体温、血压、脉搏或心律),处理器120都会计算出两个特征值。在此,健康生理数据中的数值表示 X_{health} ,#health表示健康生理数据的长度(即数值 X_{health} 的个数)。目前生理数据中的数值表示为 X_{current} ,#current表示目前生理数据的长度(即数值 X_{current} 的个数),亦称为取样数目。处理器120会计算出健康生理数据的平均值以作为一健康平均值,以下表示为 μ_{health} ,而目前生理数据的平均值表示为 μ_{current} 。此外,根据以下方程式(1)可以计算出健康生理数据的变异数以作为健康变异数 σ_{health} ;根据以下方程式(2)可以计算出目前生理数据的变异数以作为目前变异数 $\sigma_{\text{sick-sick}}$;根据以下方程式(3)可以计算目前生理数据相对于健康平均值的变异数以作为一参照变异数 $\sigma_{\text{current-health}}$ 。

$$[0027] \quad \sigma_{\text{health}} = \frac{\sum(X_{\text{health}} - \mu_{\text{health}})^2}{\# \text{health}} \quad (1)$$

$$[0028] \quad \sigma_{\text{sick-sick}} = \frac{\sum(X_{\text{current}} - \mu_{\text{current}})^2}{\# \text{current}} \quad (2)$$

$$[0029] \quad \sigma_{\text{current-health}} = \frac{\sum(X_{\text{current}} - \mu_{\text{health}})^2}{\# \text{current}} \quad (3)$$

[0030] 将参照变异数除以健康变异数可得到第一特征值f1,如以下方程式(4)所示。另外,将目前变异数除以健康变异数可得到第二特征值f2,如以下方程式(5)所示。

$$[0031] \quad f1 = \frac{\sigma_{\text{current-health}}}{\sigma_{\text{health}}} \quad (4)$$

$$[0032] \quad f2 = \frac{\sigma_{\text{sick-sick}}}{\sigma_{\text{health}}} \quad (5)$$

[0033] 在此实施例中共有体温、血压、脉搏与心律等四种生理数据,因此至少有4个上述的第一特征值f1与4个第二特征值f2共8个特征值(或者舒张压有对应的两个特征值,收缩压也有对应的两个特征值,因此共10个特征值)。在其他实施例中,上述所有的第一特征值f1与第二特征值f2会组成一个特征向量,此特征向量会输入至一个机器学习模型。此机器学习模型可以是随机森林算法、支持向量机(support vector machine)、类神经网络等,本发明并不在此限。此机器学习模型是训练来判断病患是否被感染以及被感染的病原菌的种类。在一些实施例中,机器学习模型输出的类别包括病毒感染、未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染的至少其中之一。污染菌感染表示病人体内的病原体是由于一些污染源导致,并不是败血症导致。

[0034] 请参照图2,在一些实施例中判断的顺序是先进行步骤201,判断是否被感染。若步骤201的结果为否表示未感染。若步骤201的结果为是的话则再进行步骤202,判断菌种,判断是否为细菌感染、真菌感染或病毒感染。若判断为细菌感染,则在步骤203中判断是否为革兰氏阳性菌。根据步骤203的结果可以判断为革兰氏阴性菌感染(步骤204)或是革兰氏阳

性菌感染(步骤205)。在一些实施例中,依照图2的流程可训练共3个分类器,分别对应至步骤201~203。在其他实施例中只需要训练一个分类器,此分类器输出的结果包括未感染、真菌感染、病毒感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染,本发明并不在此限。值得注意的是,图2的流程仅是一范例,在其他实施例中也可以加入或删除一或多个判断步骤。例如,在步骤202中还可以判断是否为污染菌感染。

[0035] 在上述生理数据中,体温是用以判断是否被感染的重要信息,但由于患者可能会起来走动,这会影响体温的数值,因此在一些实施例中图1的传感器110可包括重力传感器,此重力传感器例如为加速度传感器,根据此重力传感器的信号可以判断用户是否为静止状态,例如当各方向的加速度都小于一临界值时判断为静止。此外,只有当使用者为静止时才取得目前生理数据,也就是说当使用者不是静止时处理器120会忽略传感器110所感测到的生理数据。如此一来可以避免当使用者起来移动或做其他动作时取得不适当的体温,进而影响判断的结果。

[0036] 值得注意的是,上述的特征值 f_1 、 f_2 可以仅是特征向量的一部份,特征向量还可以包括其他信息。例如,特征向量还可包括用户的年龄、性别、病史等信息,这些信息会被数值化以作为特征向量的一部份。或者也可以根据传感器110所检测到的信号计算出其他的特征值以组成特征向量,本发明并不在此限。

[0037] 在一些实施例中,菌种预测系统100是实作为穿戴式装置,由病患携带在身上,因此病患可以在任意位置。菌种预测系统100可以不定时或定时地判断病患是否被感染,菌种预测系统100也可以将收集到的生理数据或将判断出的分类结果通过通信模块130传送到一服务器或医生的手机上,借此医院或医生可以通知病患立即就医接受有效药物治疗。

[0038] 在一些实施例中,上述的生理数据可以转换为影像,此影像会输入至一卷积神经网络进行分类。举例来说,对于每一种生理数据,都可以根据计算目前生理数据与健康生理之间的共变异数来产生一影像,此影像中第 i 行(column)第 j 列(row)的像素 $p_{i,j}$ 表示为以下方程式(6),其中 $X_{current,i}$ 表示目前生理数据中的第 i 个数值, $X_{health,j}$ 为健康生理数据中的第 j 个数值, i 、 j 为正整数。

$$p_{i,j} = (X_{current,i} - \mu_{current}) \times (X_{health,j} - \mu_{health}) \quad (6)$$

[0040] 由于每一种生理数据都可以用来产生一个影像,因此总共会产生4张影像这4张影像会被合并在一起成为具有4个通道的二维影像,此二维影像会输入至卷积神经网络中来进行分类。以另一个角度来看,上述的像素 $p_{i,j}$ 也可以被称为特征值。

[0041] 在一些实施例中,也可以根据以下方程式(7)来产生影像。

$$p_{i,j} = (x_i - x_j)^2 \quad (7)$$

[0043] x_i 为目前生理数据或健康生理数据中第 i 个数值。值得注意的是,目前生理数据与健康生理数据都可以套用于方程式(7),因此对于每一种生理数据都可以产生两张图,在上述例子中共会产生8张影像,这8张影像会被合并在一起成为具有8个通道的二维影像,此二维影像会输入至卷积神经网络中来进行分类。

[0044] 图3是根据一实施例绘示败血症的菌种预测方法的流程图。请参照图3,在步骤301中,感测目前生理数据,此目前生理数据包括体温、血压、脉搏的至少其中之一。在步骤302中,根据目前生理数据计算出特征值。在步骤303中,将特征值输入至机器学习模型以判断出多个类别的其中之一,这些类别包括未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感

染与革兰氏阳性菌感染的至少其中之一。然而,图3中各步骤已详细说明如上,在此便不再赘述。值得注意的是,图3中各步骤可以实作为多个程序代码或是电路,本发明并不在此限。此外,图3的方法可以搭配以上实施例使用,也可以单独使用。换言之,图3的各步骤之间也可以加入其他的步骤。

[0045] 在上述的系统与方法中,由于可以预测出是否感染以及病原菌的种类,不需要等到血液培养结果出炉。此外,临床医师可以参考预测的结果来开立合适的抗生素治疗败血症病人,借此可以改善败血症病人存活率。此外,上述的预测方法是非侵入性检查,不需要额外的抽血检验。

[0046] 虽然本发明已以实施例揭露如上,然其并非用以限定本发明,任何所属技术领域中具有通常知识者,在不脱离本发明的精神和范围内,当可作些许的更动与润饰,故本发明的保护范围当视所附的权利要求书所界定的范围为准。

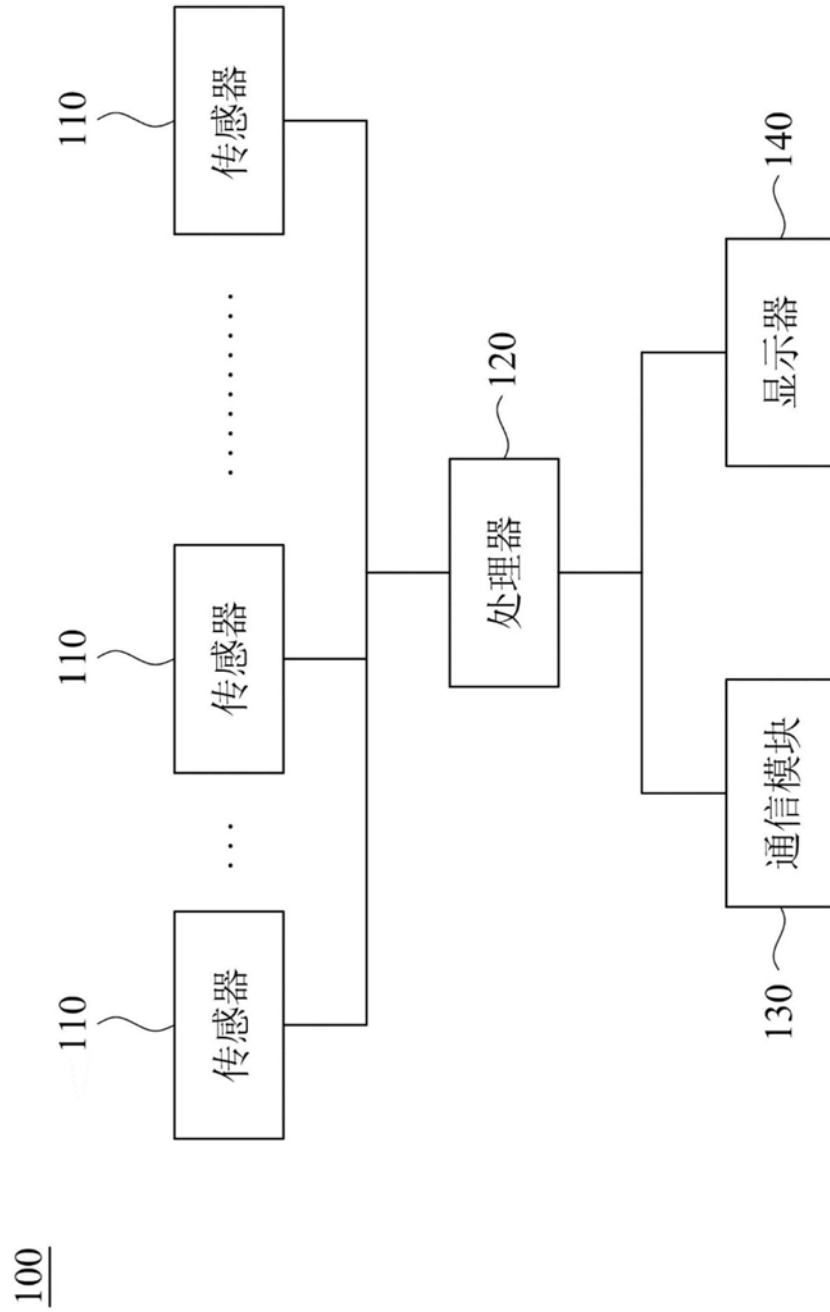


图1

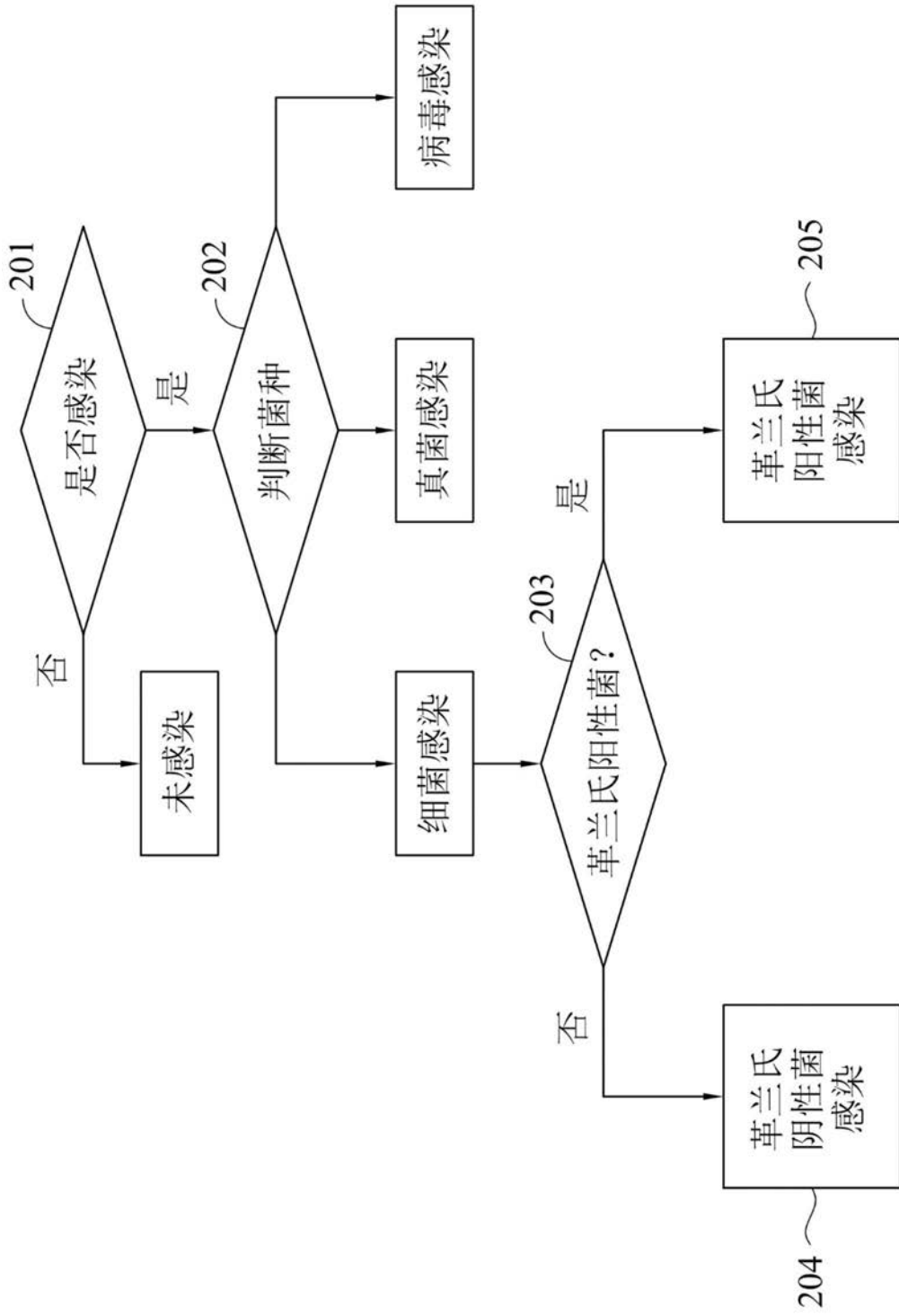


图2

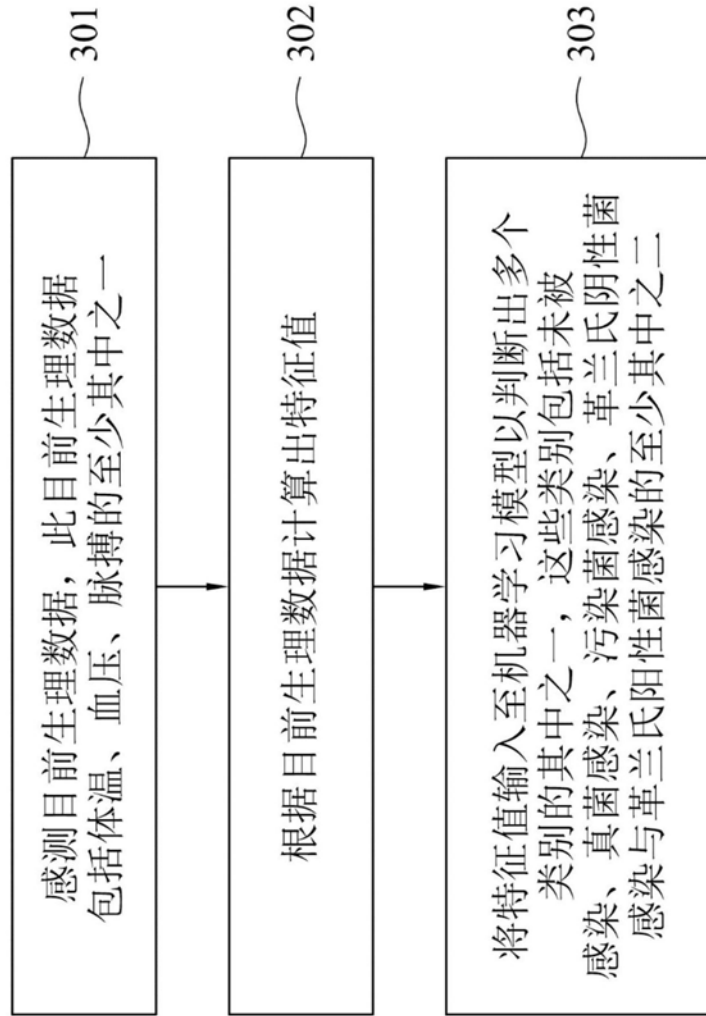


图3

专利名称(译)	败血症的菌种预测系统与方法		
公开(公告)号	CN111374639A	公开(公告)日	2020-07-07
申请号	CN201911025127.8	申请日	2019-10-25
[标]申请(专利权)人(译)	陈柏龄		
申请(专利权)人(译)	陈柏龄		
当前申请(专利权)人(译)	陈柏龄		
[标]发明人	陈柏龄 蔡承谕 舒宇宸 柯乃熒 柯文谦 庄坤达 高宏宇		
发明人	陈柏龄 蔡承谕 吕秉泽 舒宇宸 柯乃熒 叶俊吟 柯文谦 庄坤达 高宏宇		
IPC分类号	A61B5/00 A61B5/0205 A61B5/01		
代理人(译)	徐金国		
优先权	108129894 2019-08-21 TW 62/785699 2018-12-28 US		
外部链接	SIPO		

摘要(译)

本发明提出一种败血症的菌种预测系统，包括传感器与处理器。传感器用以感测目前生理数据，此目前生理数据包括体温、血压、脉搏的至少其中之一。处理器用以根据目前生理数据计算出特征值，并将特征值输入至机器学习模型以判断出多个类别的其中之一，这些类别包括未被感染、真菌感染、污染菌感染、革兰氏阴性菌感染与革兰氏阳性菌感染的至少其中之二。借此，可以自动化地判断败血症的菌种。

