



(12)发明专利

(10)授权公告号 CN 106073800 B

(45)授权公告日 2019.03.22

(21)申请号 201610638669.2

(22)申请日 2016.08.04

(65)同一申请的已公布的文献号
申请公布号 CN 106073800 A

(43)申请公布日 2016.11.09

(73)专利权人 天津大学
地址 300072 天津市南开区卫津路92号

(72)发明人 李刚 王怀乐 代文婷 林凌

(74)专利代理机构 天津市北洋有限责任专利代
理事务所 12201

代理人 李林娟

(51)Int.Cl.

A61B 5/1455(2006.01)

(56)对比文件

CN 101912256 A,2010.12.15,全文.

CN 102631199 A,2012.08.15,全文.

US 2002161287 A1,2002.10.31,全文.

CN 102631198 A,2012.08.15,全文.

李刚 等.《基于动态光谱的脉搏血氧测量精度分析》.《光谱学与光谱分析》.2006,第26卷(第10期),第1821-1824页.

王焱.《动态光谱幅值检测中的奇异值剔除》.《辽宁工程技术大学学报(自然科学版)》.2009,第28卷(第2期),第265-268页.

审查员 胡新芬

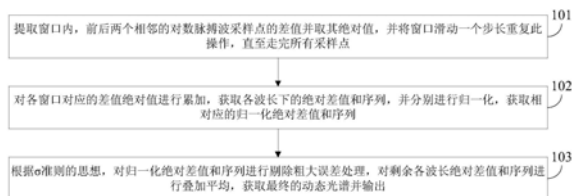
权利要求书2页 说明书10页 附图5页

(54)发明名称

基于绝对差值和提取的动态光谱数据处理方法及其装置

(57)摘要

本发明公开了一种基于绝对差值和提取的动态光谱数据处理方法及其装置,包括:提取窗口内前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值,将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点;对各窗口对应的差值绝对值进行累加,获取各波长下的绝对差值和序列,并分别进行归一化,获取相对应的归一化绝对差值和序列;根据 σ 准则思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处理,对剩余各波长绝对差值和序列进行叠加平均,获取最终的动态光谱并输出。本发明有效地解决了频域提取法中无法抑制异常波形和基线漂移等干扰的影响;弥补了时域单拍提取法中数据利用不充分,多次校正过程复杂、实时监控能力较差等缺陷;同时数据处理速度显著提高。



1. 一种基于差值提取法的动态光谱数据处理方法,其特征在于,所述动态光谱数据处理方法包括以下步骤:

提取窗口内前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值,并将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点;

对各窗口对应的差值绝对值进行累加,对各波长的绝对差值和序列中,对应相同位置的窗口的绝对差值和进行叠加平均,获取全波段绝对差值和序列模板;

将待归一化处理的各波长的绝对差值和序列与全波段绝对差值和序列模板的对应值相除,得到一组比例系数;

对所有比例系数进行叠加平均得到一个平均光程归一化系数;

用上述一组比例系数除以平均光程归一化系数,从而实现全波段绝对差值和序列等光程长的归一化;

根据 σ 准则的思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处理,对剩余各波长绝对差值和序列进行叠加平均,获取最终的动态光谱并输出。

2. 根据权利要求1所述的一种基于差值提取法的动态光谱数据处理方法,其特征在于,所述动态光谱数据处理方法还包括:

同步采集全波段的光电容积脉搏波并作对数变换,并做高通滤波处理,设置合理的窗口长度及滑动步长。

3. 根据权利要求1所述的一种基于差值提取法的动态光谱数据处理方法,其特征在于,所述提取窗口内前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值,并将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点的步骤具体为:

选取对数光电容积脉搏波M个采样点中的前W个,作为第一窗口,并计算该第一窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

保持窗口长度W不变,顺序将窗口滑动S个采样点,作为第二窗口,计算此时第二窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

重复进行上一操作,直至走完所有的采样点,得到M个采样点下的长度为W的窗口个数为 N_w ,并得到全波段 N_w 个窗口的绝对差值序列。

4. 根据权利要求1所述的一种基于差值提取法的动态光谱数据处理方法,其特征在于,所述根据 σ 准则的思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处理的步骤具体为:

用欧式距离描述各归一化绝对差值和与归一化绝对差值和模板的相似程度;

根据基于 σ 准则思想的 $\beta\sigma$ 准则,判断各归一化的绝对差值和是否存在粗大误差,如果存在,剔除归一化绝对差值和,得到一组全波段的不含粗大误差的归一化绝对差值和序列, β 为预设系数,其值在1.5~2.5之间。

5. 一种基于差值提取法的动态光谱数据处理装置,其特征在于,所述动态光谱数据处理装置,包括:

第一获取模块,在提取窗口内前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值,并将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点;

第二获取模块,用于对各窗口对应的差值绝对值进行累加,获取各波长下的绝对差值和序列,并分别进行归一化,获取相对应的归一化绝对差值和序列;

第三获取模块,用于根据 σ 准则的思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处

理,对剩余各波长绝对差值和序列进行叠加平均,获取最终的动态光谱并输出;

其中,所述第二获取模块包括:

第二获取子模块,用于对各波长的绝对差值和序列中,对应相同位置的窗口的绝对差值和进行叠加平均,获取全波段绝对差值和序列模板;

比例系数子模块,用于将待归一化处理的各波长的绝对差值和序列与全波段绝对差值和序列模板的对应值相除,得到一组比例系数;

叠加平均子模块,用于对所有比例系数进行叠加平均,得到一个平均光程归一化系数;

归一化子模块,用于将上述一组比例系数除以平均光程归一化系数,从而实现对全波段绝对差值和序列等光程长的归一化。

6. 根据权利要求5所述的一种基于差值提取法的动态光谱数据处理装置,其特征在于,所述第一获取模块包括:

第一计算子模块,用于选取对数光电容积脉搏波M个采样点中的前W个,作为第一窗口,并计算该第一窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

第二计算子模块,用于保持窗口长度W不变,顺序将窗口滑动S个采样点,作为第二窗口,计算此时第二窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

第一获取子模块,用于重复进行上一操作,直至走完所有的采样点,得到M个采样点下的长度为W的窗口个数为 N_w ,并得到全波段 N_w 个窗口的绝对差值序列。

7. 根据权利要求5所述的一种基于差值提取法的动态光谱数据处理装置,其特征在于,所述第三获取模块包括:

相似度子模块,用欧式距离描述各归一化绝对差值和与归一化绝对差值和模板的相似程度;

剔除子模块,根据基于 σ 准则思想的 $\beta\sigma$ 准则,判断各归一化的绝对差值和是否存在粗大误差,如果存在,剔除归一化绝对差值和,得到一组全波段的不含粗大误差的归一化绝对差值和序列, β 为预设系数,其值在1.5~2.5之间。

基于绝对差值和提取的动态光谱数据处理方法及其装置

技术领域

[0001] 本发明涉及光谱分析技术领域,尤其涉及一种能提高动态光谱分析精度及效率的基于绝对差值和提取的动态光谱数据处理方法及其装置。

背景技术

[0002] 在众多的无创血液成分光学检测方法中,透射光谱法相比其他光谱测量方法具有明显的优越性,其中动态光谱法在理论上可消除皮肤、脂肪等光学背景对测量动脉血液光谱的干扰。动态光谱法的基本原理是采用可见和近红外波段的光照射手指进而得到各波长下含有血液成分信息的光电容积脉搏波,通过提取各波长下取对数后的光电容积脉搏波的峰峰值即可组成动态光谱。然而,由于动脉血液的光吸收量远远小于其他组织的吸收量,导致所采集的光电容积脉搏波中交流分量占直流分量的比重较小,且受到测量中各种干扰噪声的限制,如何提取高信噪比的动态光谱信号成为建立稳定、可靠的血液成分光谱分析模型的关键问题。

[0003] 为了更为简单有效的获取相同血液容积变化对应的吸光度的差异,通常采用提取光电容积脉搏波的峰峰值(单个光电容积脉搏波周期中最大值与最小值之间的差值)来对应动脉血液最大变化量,进而组成动态光谱。现有的动态光谱提取方法主要有频域提取法(发明专利《无创测量血液光谱与成分的方法》公开号:CN101507607,公开日:2009年8月19日)、时域单拍提取法(发明专利《一种基于单沿提取法的动态光谱数据处理方法》公开号:CN101912256A,公开日:2010年12月15日)、以及时域差值提取法(发明专利《一种基于差值提取的动态光谱数据处理方法》公开号:CN102631198A,公开日:2012年8月15日),三者本质上是一致的,都是源于动态光谱的基本理论,对于信号中的变换都是线性的,因此没有改变信号的特征,只是提取信号的角度不同。

[0004] 通过对上述三种方法进行分析,发现三者均存在着以下缺点和不足:

[0005] 1、频域提取法,利用傅里叶变换的方法对各波长下的对数光电容积脉搏波进行时域到频域的变换,提取频域中基波分量的幅值来反映动脉血液的变化情况,组成动态光谱。

[0006] 然而,该方法在运算过程中难以抑制时域信号中存在的异常波形和基线漂移等因素的影响,无法在运算过程中对数据质量进行有效的实时评估。

[0007] 2、时域单拍提取法,初步解决了动态光谱时域提取的困难,实现了对数脉搏波峰峰值的直接提取,并且能较好抑制光电容积脉搏波中异常波形对动态光谱精度的影响,数据处理速度有所提升。

[0008] 然而,该方法未能充分利用数据,根据光电容积脉搏波的特殊性,一个周期仅仅利用了一个有效沿,且方法中采用多次校正,过程较为复杂,难以实现实时监测。

[0009] 3、时域差值提取法,初步解决了实验数据未能充分利用,脉搏波峰值定位存在较大误差的问题,数据处理速度有所提高。

[0010] 然而,由于该方法两个采样点的初始步长小于峰峰值,减小了光程长,也就减小了携带血液成分的光谱的比例,未能用到峰峰值这个幅度最大的吸光度的差值,信噪比有所

损失、并且需要寻找最佳步长,实时监测能力差。

发明内容

[0011] 本发明提供了一种基于绝对差值和提取的动态光谱数据处理方法及其装置,本发明解决了目前动态光谱频域提取法中运算效率低、运算中无法有效评估、异常波形影响精度等不足,以及时域单拍提取法中脉搏波定位困难和运算复杂等问题,并且还解决了时域差值提取法中实时监测能力差的问题,详见下文描述:

[0012] 一种基于差值提取法的动态光谱数据处理方法,所述动态光谱数据处理方法包括以下步骤:

[0013] 提取窗口内,获取前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值,并将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点;

[0014] 对各窗口对应的差值绝对值进行累加,获取各波长下的绝对差值和序列,并分别进行归一化,获取相对应的归一化绝对差值和序列;

[0015] 根据 σ 准则的思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处理,对剩余各波长绝对差值和序列进行叠加平均,获取最终的动态光谱并输出。

[0016] 其中,所述动态光谱数据处理方法还包括:

[0017] 同步采集全波段的光电容积脉搏波并作对数变换,并做高通滤波处理,设置合理的窗口长度及滑动步长。

[0018] 进一步地,所述提取窗口内,获取前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值,并将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点的步骤具体为:

[0019] 选取对数光电容积脉搏波M个采样点中的前W个,作为第一个窗口,并计算该第一窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0020] 保持窗口长度W不变,顺序将窗口滑动S个采样点,作为第二窗口,计算此时第二窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0021] 重复进行上一操作,直至走完所有的采样点,得到M个采样点下的长度为W的窗口个数为 N_w ,并得到全波段 N_w 个窗口的绝对差值序列。

[0022] 进一步地,所述获取各波长下的绝对差值和序列,并分别进行归一化,获取相对应的归一化绝对差值和序列的步骤具体为:

[0023] 对各波长的绝对差值和序列中,对应相同位置的窗口的绝对差值和进行叠加平均,获取全波段绝对差值和序列模板;

[0024] 根据全波段绝对差值和序列模板,对各波长的绝对差值和序列分别进行归一化,得到相对应的归一化绝对差值和序列。

[0025] 进一步地,所述根据全波段绝对差值和序列模板,对各波长的绝对差值和序列分别进行归一化,得到相对应的归一化绝对差值和序列的步骤具体为:

[0026] 1) 将待归一化处理的各波长的绝对差值和序列、与全波段绝对差值和序列模板的对应值相除,得到一组比例系数;

[0027] 2) 对所有比例系数进行叠加平均得到一个平均光程归一化系数;

[0028] 3) 用上述一组比例系数除以平均光程归一化系数,从而实现对该绝对差值和动态光谱的等光程归一化。

[0029] 其中,所述根据 σ 准则的思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处理的步骤具体为:

[0030] 用欧式距离描述各归一化绝对差值和、与归一化绝对差值和模板的相似程度;

[0031] 根据基于 σ 准则思想的 $\beta\sigma$ 准则,判断各归一化的绝对差值和是否存在粗大误差,如果存在,剔除归一化绝对差值和,得到一组全波段的不含粗大误差的归一化绝对差值和序列。

[0032] 一种基于差值提取法的动态光谱数据处理装置,所述动态光谱数据处理装置,包括:

[0033] 第一获取模块,提取窗口内前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值,并将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点;

[0034] 第二获取模块,用于对各窗口对应的差值绝对值进行累加,获取各波长下的绝对差值和序列,并分别进行归一化,获取相对应的归一化绝对差值和序列;

[0035] 第三获取模块,用于根据 σ 准则的思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处理,对剩余各波长绝对差值和序列进行叠加平均,获取最终的动态光谱并输出。

[0036] 其中,所述第一获取模块包括:

[0037] 第一计算子模块,用于选取对数光电容积脉搏波M个采样点中的前W个,作为第一个窗口,并计算该第一窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0038] 第二计算子模块,用于保持窗口长度W不变,顺序将窗口滑动S个采样点,作为第二窗口,计算此时第二窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0039] 第一获取子模块,用于重复进行上一操作,直至走完所有的采样点,得到M个采样点下的长度为W的窗口个数为 N_w ,并得到全波段 N_w 个窗口的绝对差值序列。

[0040] 其中,所述第二获取模块包括:

[0041] 第二获取子模块,用于对各波长的绝对差值和序列中,对应相同位置的窗口的绝对差值和进行叠加平均,获取全波段绝对差值和序列模板;

[0042] 比例系数子模块,用于将待归一化处理的各波长的绝对差值和序列、与全波段绝对差值和序列模板的对应值相除,得到一组比例系数;

[0043] 叠加平均子模块,用于对所有比例系数进行叠加平均,得到一个平均光程归一化系数;

[0044] 归一化子模块,用于将上述一组比例系数除以平均光程归一化系数,从而实现对该绝对差值和动态光谱的等光程归一化。

[0045] 其中,所述第三获取模块包括:

[0046] 相似度子模块,用欧式距离描述各归一化绝对差值和、与归一化绝对差值和模板的相似程度;

[0047] 剔除子模块,根据基于 σ 准则思想的 $\beta\sigma$ 准则,判断各归一化的绝对差值和是否存在粗大误差,如果存在,剔除归一化绝对差值和,得到一组全波段的不含粗大误差的归一化绝对差值和序列。

[0048] 本发明提供的技术方案的有益效果是:

- [0049] 1、本发明有效地解决了频域提取法中无法抑制异常波形和基线漂移等干扰的影响；
- [0050] 2、本发明弥补了时域单拍提取法中数据利用不充分，多次校正过程复杂、实时监控能力较差等缺陷；
- [0051] 3、本发明更为充分利用了采集到的光谱数据，改善了动态光谱无创血液成分检测的精度，和时域差值提取法相比，本发明的数据处理速度显著提高，实时监测能力增强。

附图说明

- [0052] 图1为一种基于差值提取法的动态光谱数据处理方法的流程图；
- [0053] 图2为一种基于差值提取法的动态光谱数据处理方法的流程图的另一流程图；
- [0054] 图3为同步采集全波段的光电容积脉搏波并作对数变换，并作高通滤波处理的流程图；
- [0055] 图4为提取窗口内前后两个相邻的对数光电容积脉搏波采样点的差值并取其绝对值的流程图；
- [0056] 图5为获取相对应的归一化绝对差值和序列的流程图；
- [0057] 图6为剔除含有粗大误差的归一化绝对差值和的流程图；
- [0058] 图7为一种基于差值提取法的动态光谱数据处理装置的示意图；
- [0059] 图8为一种基于差值提取法的动态光谱数据处理装置的另一示意图；
- [0060] 图9为第一获取模块的示意图；
- [0061] 图10为第二获取模块的示意图；
- [0062] 图11为第三获取模块的示意图。
- [0063] 附图中，各标号所代表的部件列表如下：
- | | |
|---------------------|--------------|
| [0064] 1: 第一获取模块； | 2: 第二获取模块； |
| [0065] 3: 第三获取模块； | 4: 采集及处理模块； |
| [0066] 11: 第一计算子模块； | 12: 第二计算子模块； |
| [0067] 13: 第一获取子模块； | 21: 第二获取子模块； |
| [0068] 22: 比例系数子模块； | 23: 叠加平均子模块； |
| [0069] 24: 归一化子模块； | 31: 相似度子模块； |
| [0070] 32: 剔除子模块。 | |

具体实施方式

[0071] 为使本发明的目的、技术方案和优点更加清楚，下面对本发明实施方式作进一步地详细描述。

[0072] 实施例1

[0073] 为了解决动态光谱频域提取法和时域单拍提取法中的不足，本发明实施例提供了一种基于差值提取法的动态光谱数据处理方法，参见图1，详见下文描述：

[0074] 101: 提取窗口内前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值，并将窗口滑动一个步长重复此操作，直至走完所有采样点；

[0075] 102: 对各窗口对应的差值绝对值进行累加，获取各波长下的绝对差值和序列，并

分别进行归一化,获取相对应的归一化绝对差值和序列;

[0076] 103:根据 σ 准则的思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处理,对剩余各波长绝对差值和序列进行叠加平均,获取最终的动态光谱并输出。

[0077] 具体实现时,在步骤101之前,该动态光谱数据处理方法还包括:

[0078] 同步采集全波段的光电容积脉搏波并作对数变换,并作高通滤波处理,设置合理的窗口长度及滑动步长。

[0079] 进一步地,步骤101具体为:

[0080] 选取对数光电容积脉搏波M个采样点中的前W个,作为第一个窗口,并计算该第一窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0081] 保持窗口长度W不变,顺序将窗口滑动S个采样点,作为第二窗口,计算此时第二窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0082] 重复进行上一操作,直至走完所有的采样点,得到M个采样点下的长度为W的窗口个数为 N_w ,并得到全波段 N_w 个窗口的绝对差值序列。

[0083] 进一步地,步骤102具体为:

[0084] 对各波长的绝对差值和序列中,对应相同位置的窗口的绝对差值和进行叠加平均,获取全波段绝对差值和序列模板;

[0085] 根据全波段绝对差值和序列模板,对各波长的绝对差值和序列分别进行归一化,得到相对应的归一化绝对差值和序列。

[0086] 1) 将待归一化处理的各波长的绝对差值和序列、与全波段绝对差值和序列模板的对应值相除,得到一组比例系数;

[0087] 2) 对所有比例系数进行叠加平均得到一个平均光程归一化系数;

[0088] 3) 用上述一组比例系数除以平均光程归一化系数,从而实现对该绝对差值和动态光谱的等光程归一化。

[0089] 进一步地,步骤103具体为:

[0090] 用欧式距离描述各归一化绝对差值和、与归一化绝对差值和模板的相似程度;

[0091] 根据基于 σ 准则思想的 $\beta\sigma$ 准则,判断各归一化的绝对差值和是否存在粗大误差,如果存在,剔除归一化绝对差值和,得到一组全波段的不含粗大误差的归一化绝对差值和序列。

[0092] 综上所述,本发明实施例实现了对实验数据更为充分的利用,极大地提高了动态光谱的信噪比,改善了动态光谱无创血液成分检测的精度。

[0093] 实施例2

[0094] 下面结合图2、图3、图4、图5和图6,对实施例1中的方案进行进一步地介绍,详见下文描述:

[0095] 201:同步采集全波段的光电容积脉搏波作对数变换,并进行高通滤波处理,设置合理的窗口长度及滑动步长;

[0096] 其中,参见图3,该步骤201具体包括2011-2012,详见下文的描述:

[0097] 2011:同步采集待测部位全波段N个波长下的光电容积脉搏波;

[0098] 其中,同步采集全波段光电脉搏波是指在同一时刻完成由N个波长构成的单个透射光谱的采集;在每个波长下的采样点为M个,共可采集得到M个透射光谱。

[0099] 其中,待测部位可以为手指、耳垂等部位,具体实现时本发明实施例对此不做限制。

[0100] 2012:对全波段对数光电容积脉搏波做巴特沃斯高通滤波处理,设置合理的窗口长度 W 及滑动步长 S ;

[0101] 其中,全波段对数光电容积脉搏波是指对全波段 N 个波长构成的所有透射光谱组成的光电容积脉搏波信号的幅值作对数变换,得到全波段对数光电容积脉搏波。

[0102] 其中,巴特沃斯高通滤波处理是指滤除低频的基线漂移的干扰,本发明实施例预设巴特沃斯滤波器通带截止频率为 $0.8\sim 1.2\text{Hz}$,阻带截止频率为 $0.5\sim 0.75\text{Hz}$,通带衰减为 0.01dB ,阻带衰减为 50dB 。

[0103] 具体实现时,上述参数的设置根据实际应用中的需要进行设定,本发明实施例对此不做限制。

[0104] 其中,对窗口长度 W 及滑动步长 S 进行设置时,应根据光电容积脉搏波数据采集系统的采样率及精度,同时结合人体脉搏波的特征进行确定,具体实现时本发明实施例对此不做限制。

[0105] 202:提取窗口内前后两个相邻的对数光电容积脉搏波采样点的差值并取其绝对值,并将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点;

[0106] 其中,参见图4,该步骤202具体包括2021-2023,详见下文的描述:

[0107] 2021:选取对数光电容积脉搏波 M 个采样点中的前 W 个,作为第一个窗口,并计算该第一窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0108] 其中,该步骤具体为:全波段各波长下的对数光电容积脉搏波采样点的个数相同均为 M ,以其中一个波长为例,其采样点的第一个至第 W 个共 W 个采样点组成本波长下对数光电容积脉搏波信号的第一个窗口,计算此第一窗口内前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波幅值的差值并取其绝对值,得到 $W-1$ 个绝对差值。

[0109] 2022:保持窗口长度 W 不变,顺序将窗口滑动 S 个采样点,作为第二窗口,计算此时第二窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0110] 其中,该步骤具体为:以所述的波长为例,在完成本波长下对数光电容积脉搏波信号的第一个窗口内的全部相邻两采样点的差值,并求取绝对值完成后,将窗口顺序滑动 S 个采样点,并保持窗口的长度不变,即由第 $S+1$ 个采样点到第 $S+W$ 个采样点组成第二个窗口,并计算此第二窗口内、前后两个相邻采样点的对数脉搏波幅值的差值并取其绝对值,再次得到 $W-1$ 个绝对差值。

[0111] 2023:重复进行上一操作,直至走完所有的采样点,得到 M 个采样点下的长度为 W 的窗口个数为 N_w ,并得到全波段 N_w 个窗口的绝对差值序列。

[0112] 该步骤具体为:以所述的波长为例,在完成本波长下对数光电容积脉搏波信号的前两个窗口(即第一窗口和第二窗口)内的全部相邻两采样点的差值,并求取绝对值完成后,将窗口再次顺序滑动 S 个采样点,作为第三窗口,并保持第三窗口的长度不变,并计算此第三窗口内的前后两个相邻采样点的对数脉搏波幅值的差值并取其绝对值,又得到 $W-1$ 个绝对差值;以此类推,在保持窗口的长度不变的基础上继续滑动 S 个采样点,得到 $W-1$ 个绝对差值,直至有某个窗口包含到最后一个采样点时结束。

[0113] 综上所述,最终得到所述波长 M 个采样点下的长度为 W 的窗口个数为 N_w ,并得到此

N_w 个窗口的绝对差值序列。

[0114] 将步骤2021-2023的方法应用到所有波长,计算得到全波段各对数光电容积脉搏波长下 N_w 个窗口的绝对差值序列。

[0115] 203:对各波长下的各窗口的内部 $W-1$ 个绝对差值进行累加,得到各波长下的绝对差值和序列(作为初始的绝对差值和序列),此序列的长度为窗口的个数 N_w ;

[0116] 204:对各波长绝对差值和序列分别进行归一化处理,获取相对应的归一化绝对差值和序列;

[0117] 其中,参见图5,该步骤204具体包括2041-2042,详见下文描述:

[0118] 2041:对各波长的绝对差值和序列中,对应相同位置的窗口的绝对差值和进行叠加平均,获取全波段绝对差值和序列模板;

[0119] 其中,由于各波长下的光电容积脉搏波在同一部位同步采集,因而它们在时间上具有严格一致性,图形上具有相似性。经对数、差值、取绝对值、求和等运算得到的全波段绝对差值和序列同样具有时间的一致性和图形的一致性,因而可对各波长的绝对差值和序列中对应同一位置的绝对差值和进行叠加平均,获取全波段绝对差值和序列模板。

[0120] 由于不同时刻的绝对差值和具有相似性,但光程长存在差异,对绝对差值和序列进行叠加平均即可得到一个平均光程长的绝对差值和序列。

[0121] 2042:根据全波段绝对差值和序列模板,对各波长的绝对差值和序列分别进行归一化,得到相对应的归一化绝对差值和序列。

[0122] 由于初始的绝对差值和之间存在光程长差异,因而需要对初始的绝对差值和进行归一化处理;由于平均光程长绝对差值和序列具有很高的信噪比,因而以此作为标准来对各波长下的绝对差值和序列进行归一化处理,绝对差值和序列与上述模板具有相同的光程长,以消除光程长的不同引入的误差,归一化具体步骤如下:

[0123] 1) 将待归一化处理的各波长的绝对差值和序列、与全波段绝对差值和序列模板的对应值相除,得到一组比例系数 K_i ($i=1,2,3\cdots,N_w$);

[0124] 2) 对所有比例系数 K_i 进行叠加平均得到一个平均光程归一化系数 \bar{K} ;

[0125] 3) 用上述一组比例系数 K_i 除以 \bar{K} ,从而实现对该绝对差值和动态光谱的等光程归一化。

[0126] 205:根据 σ 准则的思想,在提取出的归一化绝对差值和序列中,剔除含有粗大误差的归一化绝对差值和;

[0127] 其中,参见图6,该步骤205具体包括2051-2053,详见下文描述:

[0128] 2051:对各波长的归一化绝对差值和序列,进行叠加平均,获取全波段归一化绝对差值和模板;

[0129] 该步骤具体为:由于累加获得同一波长各个绝对差值和的窗口的长度相同,幅值相近,将各波长的归一化绝对差值和序列 X^i 做叠加平均,得到一个该波长下归一化绝对差值和的均值 \bar{X} ,此均值 \bar{X} 可以反映该波长下各归一化绝对差值和的“理想水平”,将均值 \bar{X} 作为全波段归一化绝对差值和模板。

[0130] 那么将距离此均值 \bar{X} 较远,差距较大的归一化绝对差值和视为粗大误差,从而将含有这种归一化绝对差值和的窗口进行全波段相对位置的全部去除,以实现粗大误差的剔

除。

[0131] 2052:用欧式距离描述各归一化绝对差值和、与归一化绝对差值和模板的相似程度;

[0132] 该步骤具体为:根据欧式距离的定义,各归一化绝对差值和 X^i 、与归一化绝对差值和模板 \bar{X} 之间的距离为 $D(X^i, \bar{X})$,以 $D(X^i, \bar{X})$ 来描述二者的相似性, $D(X^i, \bar{X})$ 越小,则表明二者的相似性越高。

$$[0133] \quad \text{其中, } D(X^i, \bar{X}) = \left(\sum_{\lambda=1}^N |X_{\lambda}^i - \bar{X}_{\lambda}| \right)^{\frac{1}{2}}$$

[0134] 2053:根据基于 σ 准则思想的 $\beta\sigma$ 准则,判断各归一化的绝对差值和是否存在粗大误差,如果存在,剔除归一化绝对差值和;如果不存在,则筛选结束,最终得到一组全波段的不含粗大误差的归一化绝对差值和序列。

[0135] 其中,在测量过程中由于存在外界噪声或者基线漂移等干扰,这些因素会产生粗大误差从而影响动态光谱的精度,因而需要对含有粗大误差的归一化绝对差值和进行剔除,来提高动态光谱的信噪比。

[0136] 粗大误差剔除步骤具体为:计算各归一化绝对差值和、与归一化绝对差值和模板之间的平均欧氏距离 \bar{D} 、残差 v_i 、标准差 σ ;若某一绝对差值和的残差大于 $\beta\sigma$,即 $|v_i| > \beta\sigma$,则认为该绝对差值和含有粗大误差并予以剔除,否则予以保留。

[0137] 其中, β 为预设系数,其值在1.5~2.5之间,由于原理相似,对粗大误差的剔除只存在阈值上的微小差别,故本发明实施例对 β 的取值不做限制。

[0138] 对所有归一化绝对差值和完成一轮粗大误差剔除后,将剩余的归一化绝对差值和重新返回步骤2052进行新一轮的剔除,直至全部含有粗大误差的归一化绝对差值和被剔除;最终得到一组全波段的不含粗大误差的归一化绝对差值和序列。

$$[0139] \quad \bar{D} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N D(X^i - \bar{X})$$

$$[0140] \quad v_i = D(X^i - \bar{X}) - \bar{D}$$

$$[0141] \quad \sigma = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N v_i^2}{N-1}}$$

[0142] 206:对剩余的各波长绝对差值和序列进行叠加平均,得到最终的动态光谱并输出。

[0143] 其中,本发明实施例中应用到的取对数、 σ 判定准则、 $k\sigma$ 判定准则等均为数据处理方法中的公知技术,为本领域技术人员所公知,本发明实施例对此不做赘述。

[0144] 综上所述,本发明实施例通过差值运算可获得大量的原始光谱数据,实现了对实验数据更为充分的利用;在处理过程中首先利用不同波长下绝对差值和序列所得模板的平均效应,实现对全波段的绝对差值和序列等光程长的归一化;其次在粗大误差剔除过程中利用不同窗口的绝对差值和的平均效应,对含粗大误差的绝对差值和所在窗口予以剔除,极大地提高了动态光谱的信噪比,改善了动态光谱无创血液成分检测的精度。

[0145] 实施例3

[0146] 本发明实施例提供了一种基于差值提取法的动态光谱数据处理装置,该装置是与实施例1和2中的方法部分相对应,参见图7,该装置包括:

[0147] 第一获取模块1,提取窗口内前后两个相邻的对数脉搏波采样点的差值并取其绝对值,并将窗口滑动一个步长重复此操作,直至走完所有采样点;

[0148] 第二获取模块2,用于对各窗口对应的差值绝对值进行累加,获取各波长下的绝对差值和序列,并分别进行归一化,获取相对应的归一化绝对差值和序列;

[0149] 第三获取模块3,用于根据 σ 准则的思想,对归一化绝对差值和序列进行剔除粗大误差处理,对剩余各波长绝对差值和序列进行叠加平均,获取最终的动态光谱并输出。

[0150] 其中,参见图8,该动态光谱数据处理装置还包括:

[0151] 采集及处理模块4,用于同步采集全波段的光电容积脉搏波并作对数变换,并做高通滤波处理,设置合理的窗口长度及滑动步长。

[0152] 进一步地,参见图9,该第一获取模块1包括:

[0153] 第一计算子模块11,用于选取对数光电容积脉搏波M个采样点中的前W个,作为第一个窗口,并计算该第一窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0154] 第二计算子模块12,用于保持窗口长度W不变,顺序将窗口滑动S个采样点,作为第二窗口,计算此时第二窗口内、前后两个相邻采样点的对数光电容积脉搏波的差值并取其绝对值;

[0155] 第一获取子模块13,用于重复进行上一操作,直至走完所有的采样点,得到M个采样点下的长度为W的窗口个数为 N_w ,并得到全波段 N_w 个窗口的绝对差值序列。

[0156] 进一步地,参见图10,该第二获取模块2包括:

[0157] 第二获取子模块21,用于对各波长的绝对差值和序列中,对应相同位置的窗口的绝对差值和进行叠加平均,获取全波段绝对差值和序列模板;

[0158] 比例系数子模块22,用于将待归一化处理的各波长的绝对差值和序列、与全波段绝对差值和序列模板的对应值相除,得到一组比例系数;

[0159] 叠加平均子模块23,用于对所有比例系数进行叠加平均,得到一个平均光程归一化系数;

[0160] 归一化子模块24,用于将上述一组比例系数除以平均光程归一化系数,从而实现对该绝对差值和动态光谱的等光程归一化。

[0161] 进一步地,参见图11,该第三获取模块3包括:

[0162] 相似度子模块31,用欧式距离描述各归一化绝对差值和、与归一化绝对差值和模板的相似程度;

[0163] 剔除子模块32,根据基于 σ 准则思想的 $\beta\sigma$ 准则,判断各归一化的绝对差值和是否存在粗大误差,如果存在,剔除归一化绝对差值和,得到一组全波段的不含粗大误差的归一化绝对差值和序列。

[0164] 具体实现时,本发明实施例对上述的模块、子模块的执行主体不做限制,可以为单片机、计算机、微控制器等具有计算功能的硬件,只要能实现上述功能的器件均可。

[0165] 综上所述,本发明实施例实现了对实验数据更为充分的利用,极大地提高了动态

光谱的信噪比,改善了动态光谱无创血液成分检测的精度。

[0166] 本发明实施例对各器件的型号除做特殊说明的以外,其他器件的型号不做限制,只要能完成上述功能的器件均可。

[0167] 本领域技术人员可以理解附图只是一个优选实施例的示意图,上述本发明实施例序号仅仅为了描述,不代表实施例的优劣。

[0168] 以上所述仅为本发明的较佳实施例,并不用以限制本发明,凡在本发明的精神和原则之内,所作的任何修改、等同替换、改进等,均应包含在本发明的保护范围之内。

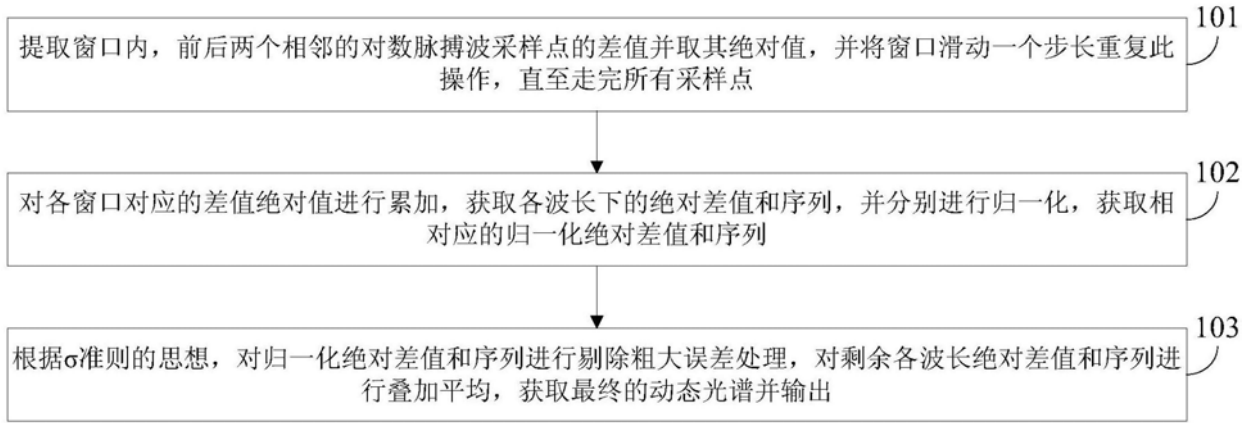


图1

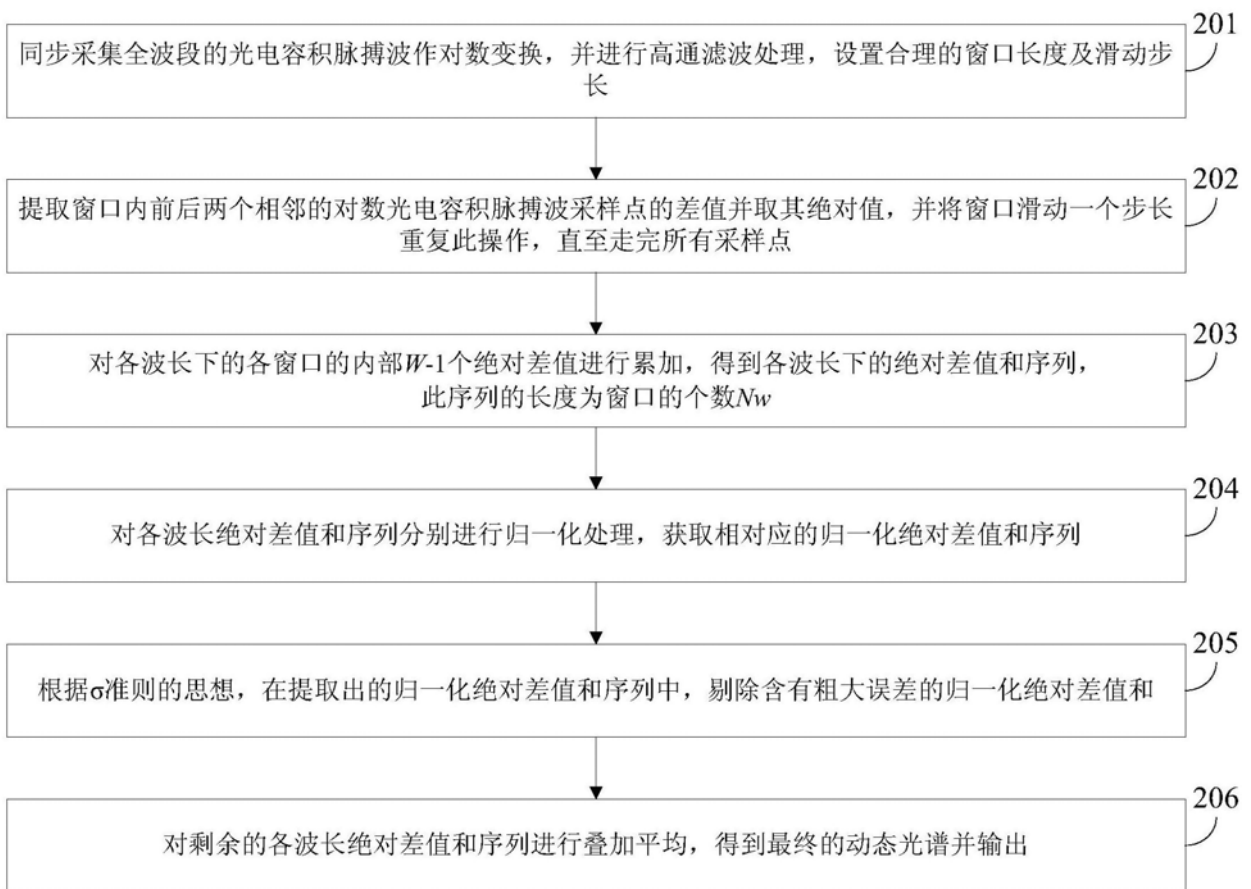


图2

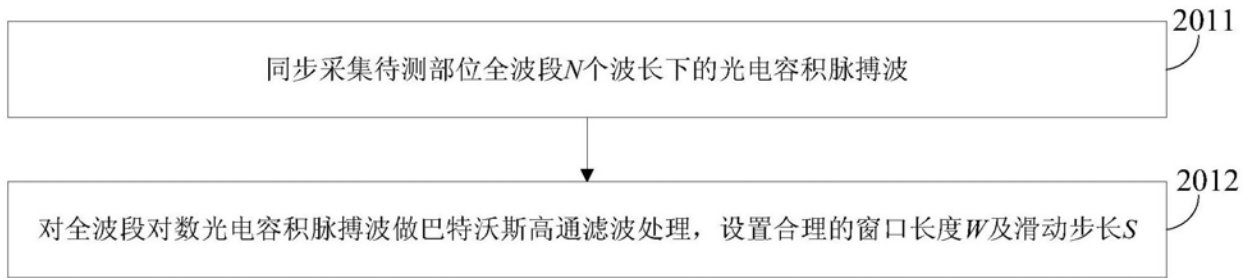


图3

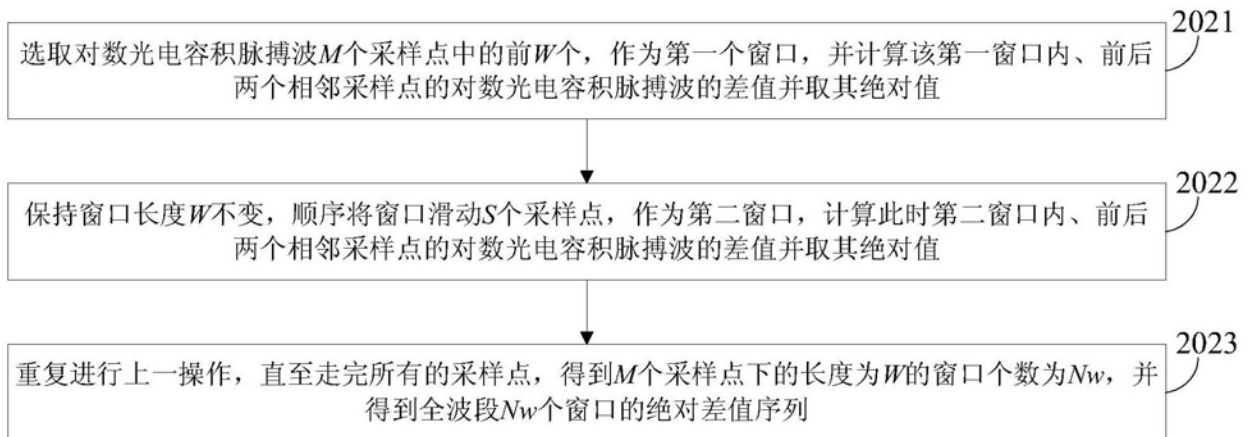


图4

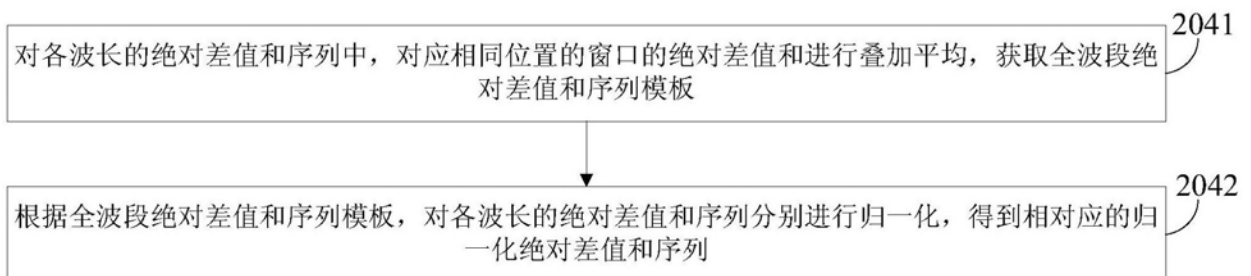


图5

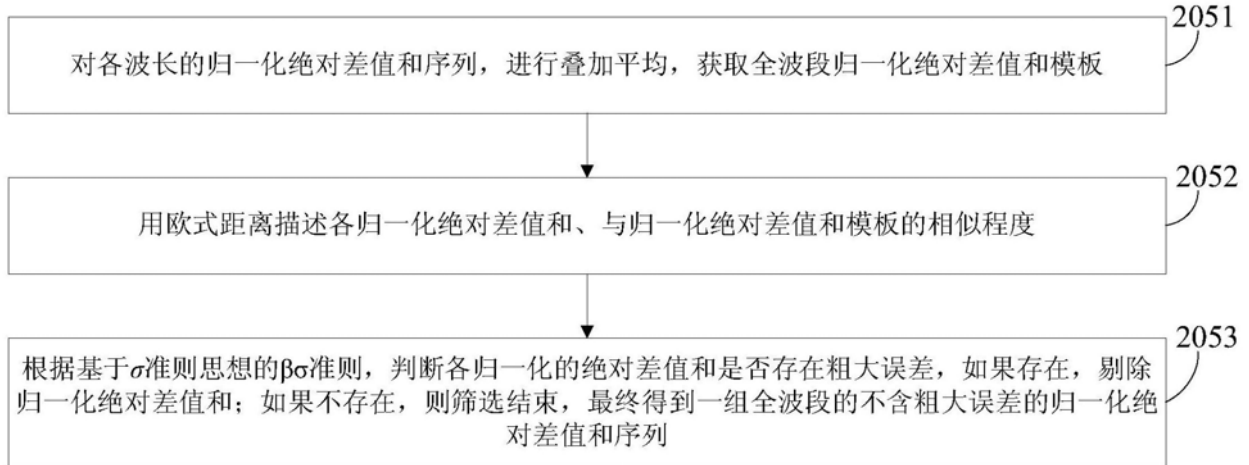


图6



图7

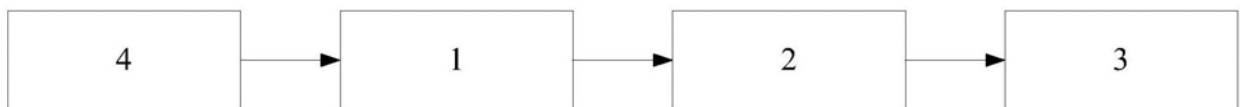


图8

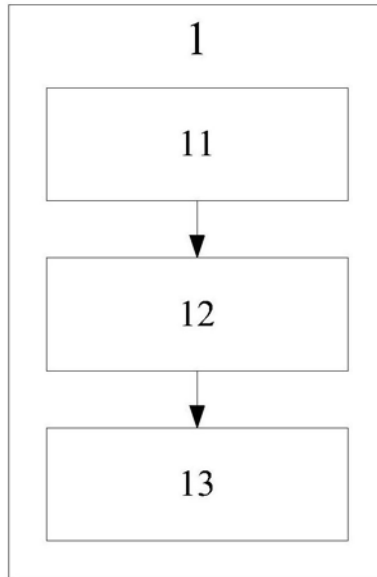


图9

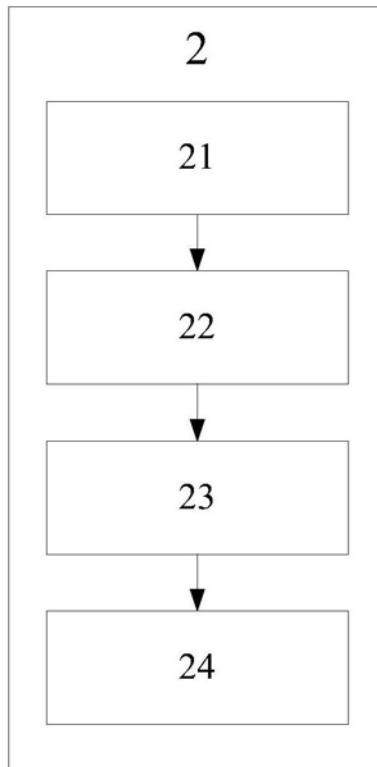


图10

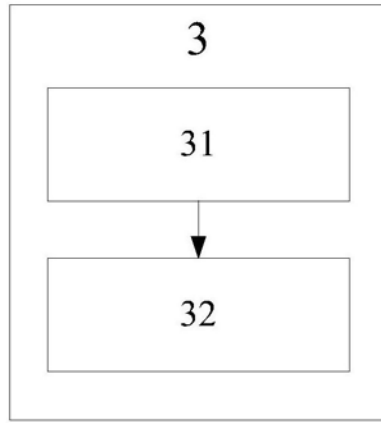


图11