

基于符号化部分互信息熵的多参数生物电信号的耦合分析*

张梅¹⁾ 崔超²⁾ 马千里¹⁾ 干宗良^{1)†} 王俊^{1)‡}

1) (南京邮电大学, 图像处理与图像通信江苏省重点实验室, 南京 210003)

2) (郑州大学机械工程学院, 郑州 450001)

(2012年10月12日收到; 2012年11月3日收到修改稿)

提出了一种新的时间序列耦合信息分析方法——基于部分互信息符号化部分互信息熵. 研究表明, 多参量的生物电信号各参量间具有耦合关系, 使用符号化的部分互信息能够很好地对生物电信号时间序列进行分析, 从而获得其耦合程度. 应用该算法对生物电信号计算并进行假设检验, 结果表明清醒期的生物电信号耦合程度显著高于睡眠期, 证明符号化部分互信息可以用来分析时间序列间的耦合信息, 而且生物电信号的耦合程度可以作为度量一个物理过程是否处于活跃状态的参数, 未来可以应用于临床医学以及生物电传感器等领域.

关键词: 符号化, 部分互信息熵, 生物电信号, 耦合

PACS: 87.85.-d, 05.45.-a

DOI: 10.7498/aps.62.068704

1 引言

近年来, 心脑血管等身体内部器官疾病的发病率不断地增加, 为了对身体内部器官的健康状况进行准确的预报和诊断, 需要行之有效的方法来采集和分析人体生物电信号. 目前生物电信号采集和记录技术有了很大进步. 相比较于生物电信号采集技术的突飞猛进, 生物电信号的分析技术的进展^[1-4]却不尽如人意. 目前常用的生物电分析方法主要有时域分析^[5-11]、频域分析^[6-9,12]、功率谱分析^[13,14]、神经网络^[12,15-19]分析方法等, 但大多数是停留在理论方面, 没有广泛地应用于实践.

本文提出了一种新的生物电信号分析方法——基于符号化部分互信息的多参数生物电信号的分析方法, 这种方法用于分析生物电信号之间的耦合信息. 分析两个或两个以上系统的耦合关系十分有益, 以分析生物电信号为例, 由于目前尚不能完全掌握这些系统, 所以我们的分析局限于已记录的生

物电信号上. 部分互信息可以反映这些信号间的相关性, 这对于疾病的检测和诊断具有重要意义.

如果直接对生物电信号原始序列进行部分互信息分析^[20], 由于噪声等因素的影响, 往往不能准确地对信号序列进行分析. 而且和其他基于熵的算法一样, 基于部分互信息的耦合分析方法也存在不足, 要求数据量较大, 而且时间序列具有很好的平稳性, 这些都给实际应用带来困难.

针对以上问题, 本文提出了使用符号化的部分互信息来对生物电信号进行耦合分析. 符号化^[21,22]是动力学系统研究的一个重要手段, 其主要的意义是对噪声的影响不敏感, 得到的结论较为严格, 而其应用的关键在于如何划分符号区域, 使得处理后的信号不会丢失时间序列的动力学特性.

2 基本原理

对于一个离散随机变量 X , 有概率分布 $\{p_x\}$, 其信息熵定义如下:

* 国家自然科学基金(批准号: 61271082, 61201029, 61102094)和江苏省自然科学基金(批准号: BK2011759, BK2011565)资助的课题.

† 通讯作者. E-mail: ganzongliang@gmail.com

‡ 通讯作者. E-mail: wangj@njupt.edu.cn

$$H(X) = -\sum_x p_x \ln p_x, \quad (1)$$

两个随机变量 X 和 Y 的互信息定义为

$$I(X, Y) = H(X) + H(Y) - H(X, Y), \quad (2)$$

$I(X, Y)$ 反映了随机变量 X 和 Y 间的相关性, 其中联合熵 $H(X, Y)$ 由 XY 的联合分布 $\{p_{xy}\}$ 计算得到.

部分互信息 $I(X, Y|Z)$ 是 XY 相交但不包括 Z 的部分, 其定义式如下:

$$I(X, Y|Z) = H(X, Z) + H(Y, Z) - H(Z) - H(X, Y, Z). \quad (3)$$

$I(X, Y|Z)$ 表示在已知 Z 的情况下 Y 提供的关于 X 的平均信息量, 其物理意义如图 1 所示.

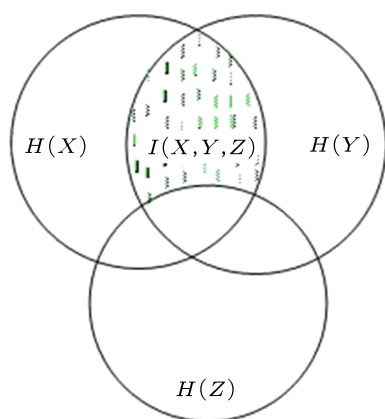


图 1 部分互信息 $I(X, Y|Z)$ (间断条纹部分)

对于相同的 Z 部分信息熵是对称的, 即 $I(X, Y|Z) = I(Y, X|Z)$, 同样有 $0 \leq I(X, Y|Z)$, 当且仅当 XY 相互独立时取零, 特别是当 X 或 Y 是 Z 的函数时. 随机变量间的互信息越大, 其耦合程度越大.

为了克服噪声等因素的影响, 本文提出了使用符号化的部分互信息来对生物电信号进行耦合分析. 原始序列的符号化定义如下^[23,24]:

$$s_i(\hat{x}_i) = \begin{cases} 0: \mu_1 < x_i \leq (1+a)\mu_1 & \text{or} \\ & (1+a)\mu_2 \leq x_i < \mu_2 \\ 1: (1+a)\mu_1 < x_i < \infty & \text{or} \\ & -\infty < x_i < (1+a)\mu_2 \\ 2: (1-a)\mu_1 \leq x_i < \mu_1 & \text{or} \\ & \mu_2 < x_i \leq (1-a)\mu_2 \\ 3: (1-a)\mu_2 < x_i < (1-a)\mu_1 \end{cases}, \quad (4)$$

其中 μ_1 是原始序列中大于等于零的取样信号的平均值, μ_2 是小于零的平均值, 取 $a = 0.05$. 符号化主

要的意义是对噪声的影响不敏感, 得到的结论较为严格, 而其应用的关键在于如何划分符号区域, 使得处理后的信号不会丢失时间序列的动力学特性. 当 a 取 0.04 到 0.07 时都可得到原信号的大尺度信息, 如果 a 取小于 0.04 或大于 0.07 时, 会得不到较为合理的统计特性. 这是因为在符号化的过程中, 如果 a 的值过大或过小, 会导致细节信息的丢失. 故取 $a = 0.05$, 既能去掉原信号噪声影响, 又能较好地捕捉信号中的动态信息.

为了取得更好的分析效果, 本文将原始序列符号化与部分互信息分析法结合, 即先对多参数的生物电原始信号脑电 X , 心电 Y , 肌电 Z 进行符号化及编码处理, 得到符号化序列 $\hat{X}, \hat{Y}, \hat{Z}$, 再计算其部分互信息来获得多参量生物电信号的耦合信息, 符号化的部分互信息定义如下:

$$I(\hat{X}, \hat{Y}|\hat{Z}) = H(\hat{X}, \hat{Z}) + H(\hat{Y}, \hat{Z}) - H(\hat{Z}) - H(\hat{X}, \hat{Y}, \hat{Z}). \quad (5)$$

3 基于符号化部分互信息的生物电信号耦合分析

3.1 实验数据

本文使用的睡眠数据来自 PhysioBank 的 MIT-BIH Polysomnographic Database. 该库中的记录是多参数睡眠数据, 包括 1 导 EEG (electroencephalogram) 信号, 1 导 ECG (electrocardiosignal) 信号, 1 导 EOG (eyectro-oculogram) 信号, 1 导 EMG (electromyographic signal) 信号等多导睡眠信号, 记录长度为 6 h, 数据采样频率 250 Hz, 每份记录的数据都附带着以 30 s 为一个分期的注释信息, 本文的实验结论判定依此注释为参考.

本文所用数据, 分别采用了 15 组受试者睡眠和清醒期的多参数生物电信号数据中的 1 导 EEG (C3-O1) 脑电信号、1 导 ECG 心电信号、1 导 EMG 肌电信号, 提取其中的清醒期和 NREM 睡眠 I 期的若干组信号, 分别记为样本 Sleep 和 Weak.

3.2 实验方法

根据本文提出的算法, 我们首先根据 (4) 式对生物电原始信号各参量 EEG, ECG, EMG 进行相应的符号化及编码处理, 再根据 (5) 式计算生物电信号样本 Sleep 和 Weak 各参量间的部分互信息

$I(\text{EEG}, \text{ECG}|\text{EMG})$, 从而分别获得睡眠期和清醒期生物电信号的耦合信息. 最后使用 spss 统计分析软件对计算结果进行了假设检验, 验证了该算法的有效性. 以生物电信号的耦合信息作为参数, 我们可以判断该生物机制是处在活跃的还是消极的状态, 这对于一些身体内部器官健康状况的诊断具有重要意义.

3.3 实验结果及分析

3.3.1 研究多参量生物电信号耦合程度与数据长度 L 的关系

对受训者样本 15 组 Sleep 和 15 组 Wake 中的每组生物电信号序列分别取数据长度 $L = 500, 1000, 1500, 2000, 2500, 3000$, 并对每个时间序列进行符号化及编码处理, 分别计算每个个体的部分互信息, 并分别对睡眠期部分互信息和清醒期部分互信息进行平均, 得到部分互信息与数据长度 L 的关系如图 2 所示.

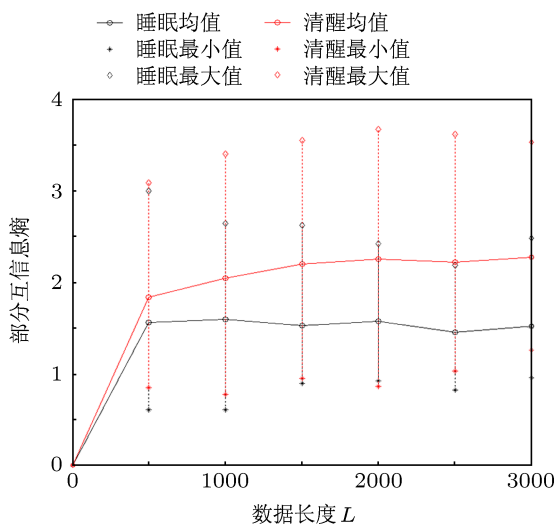


图 2 部分互信息熵与数据长度 L 的关系

分析图 2 睡眠期与清醒期的部分互信息曲线可知:

- 1) 在数据长度相等的情况下, 清醒期的生物电信号耦合程度要高于睡眠期;
- 2) 当数据长度由 0 增至 2000 的过程中, 睡眠期与清醒期的耦合程度分别呈递增趋势, 数据长度大于 2000 时, 耦合程度趋于平稳, 基本不变.

从数据的精准性考虑, 数据长度越大, 其统计概率分布越接近实际分布, 相应的准确性越高. 但从计算量以及计算速度来讲, 数据长度越小, 那么

算法速度也越快, 综合我们的实验结果, 取数据长度 $L = 2000$ 时, 既能兼顾处理速度, 又可以保证实验精度.

3.3.2 研究多参量生物电信号耦合程度与编码长度 N 的关系

对受训者样本 15 组 Sleep 和 15 组 Weak 中的每组生物电信号序列分别取编码长度 $N = 1, 2, 3, 4, 5, 6$, 并对每个时间序列进行符号化及编码处理, 分别计算每个个体的部分互信息, 并分别对睡眠期部分互信息和清醒期部分互信息进行平均, 得到生物电信号耦合程度与编码长度 N 的关系如图 3 所示.

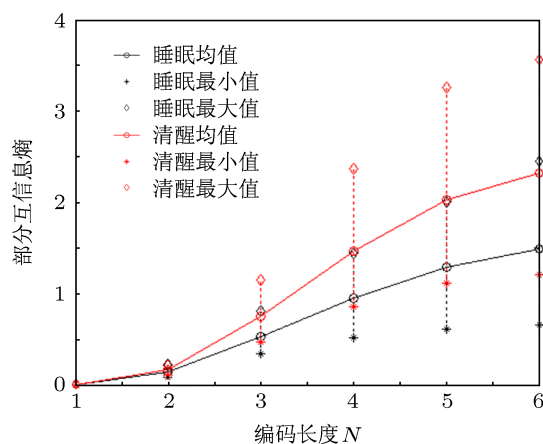


图 3 部分互信息熵与编码长度 N 的关系

分析图 3 部分互信息与编码长度 N 的关系可知:

- 1) 在编码长度 N 从 1 到 6 的递增过程中, 生物电信号的部分互信息都成增大趋势;
- 2) 清醒期的耦合程度明显高于睡眠期的, 且在 $N = 6$ 时清醒期与睡眠期耦合程度差异最显著.

考虑到实验效果的明显性, N 应该取大些; 考虑到算法的复杂度会影响实验处理速度以及在临床应用上的实时性, N 应该取小一些. 综合考虑上述因素, N 取 6.

3.3.3 研究在数据长度 $L = 2000$, 编码长度 $N = 8$ 条件下青老年能量耗散的差异

对受训者样本 15 组 Sleep 和 15 组 Weak 中的每组生物电信号序列分别取编码长度 $N = 6$ 及数据长度 $L = 2000$, 计算每个个体的部分互信息, 得到生物电耦合程度与睡眠期清醒期的关系如图 4 所示.

分析图 4 睡眠期与清醒期的生物电信号耦合程度对比可知:

1) 清醒期生物电信号耦合程度明显高于睡眠期的, 生物电信号的部分互信息熵可以作为衡量一个过程是否处于积极有序状态的参数, 耦合程度越高, 说明该物理过程越有序;

2) 上图中 0—14 号生物电信号个体间的生物电信号耦合程度有很大差异, 不同个体处于不同的年龄段和具有不同的体重引起的.

3.3.4 统计分析与假设检验

为进一步验证本文计算结果的准确性及算法的有效性, 使用 spss 统计分析软件对计算结果进行了假设检验, 主要方法如下.

对清醒期与睡眠期生物电信号耦合程度的差异显著性进行假设检验, 分别将睡眠期和清醒期的部分互信息值记作样本 S 和 W , 使用 spss 对两组部

分互信息数据 S, W 进行独立样本 T 检验, 结果如表 1 所示.

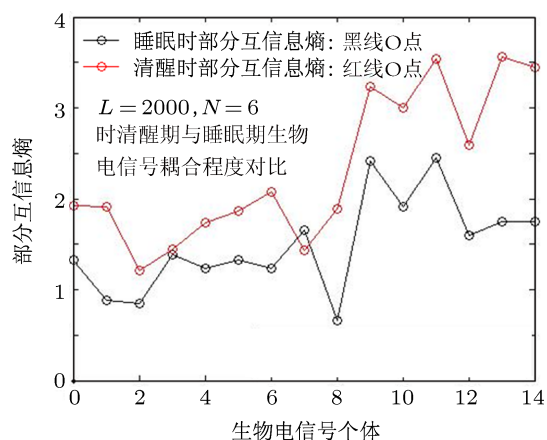


图 4 睡眠期与清醒期的生物电信号耦合程度对比

表 1 清醒期与睡眠期生物电信号耦合程度的差异显著性假设检验

		独立样本检验								
		方差方程的 Levene 检验		均值方程的 t 检验						
		F	Sig.	t	df	Sig. (双侧)	均值差值	标准误差值	差分的 95%置信区间	
									下限	上限
清醒	假设方差相等	6.866	0.014	3.291	28	0.003	0.830332263715614	0.252319794554750	0.309127295098396	1.351537232332831
睡眠	假设方差不相等			3.291	23.621	0.003	0.830332263715614	0.252319794554750	0.313478594533403	1.347185932897824

本文关注的是准确地对清醒期与睡眠期生物电信号进行判断和辨别, 根据表 1 分析清醒期与睡眠期生物电信号耦合程度的差异显著性, 假设清醒期与睡眠期的均值相等:

1) 由表 1 可知, 在假设方差相等的情况下, 自由度 (df) 为 28, 查找 t 值表可知理论 t 值 $t(df)0.05 = t(28) = 2.048$, 而样本 t 值为 3.291, 大于 $t(28)$, 且 $Sig(双侧) = 0.003 < 0.05$, 假设不成立, 所以清醒期与睡眠期生物电信号耦合程度差异显著;

2) 由表 1 可知, 在假设方差不相等的情况下, 自由度 (df) 为 23, 查找 t 值表可知理论 t 值 $t(df)0.05 = t(23) = 2.069$, 而样本 t 值为 3.291, 大于 $t(23)$, 且 $Sig(双侧) = 0.003 < 0.05$, 假设不成立, 所以清醒期与睡眠期生物电信号耦合程度差异显著, 证明该算法可以有效地对清醒期与睡眠期生物电信号进行区分.

以上实验结果证明, 使用符号化的部分互信息算法可以很好地对多参数生物电信号的耦合程度进行分析, 以生物电信号各参量之间的耦合程度作

为参数, 能够有效地辨别该生理机制是否是活跃的, 这对于身体内部器官健康状况的诊断具有重要意义.

4 结束语

1) 提出了一种新的部分互信息的计算方法——符号化部分互信息, 经验证该算法能够很好地分析离散随机变量间的耦合信息.

2) 使用符号化的部分互信息来计算生物电时间序列间的耦合程度, 实现了利用统计学来量化研究生命现象.

3) 基于该算法分别对睡眠期和清醒期的 EEG, ECG, EMG 多参量生物电信号进行分析. 分析结果表明, 清醒期的生物电信号的耦合程度显著高于睡眠期的. 并进行了假设验证, 证明睡眠期和清醒期的生物电耦合信息具有显著差异, 表明耦合程度可以作为衡量一个物理过程是否处于积极状态以及睡眠分期的参数.

- [1] Fang X L, Jiang Z L 2007 *Acta Phys. Sin.* **56** 7330 (in Chinese) [方小玲, 姜宗来 2007 物理学报 **56** 7330]
- [2] Meng Q F, Zhou W D, Chen Y H, Peng Y H 2010 *Acta Phys. Sin.* **59** 123 (in Chinese) [孟庆芳, 周卫东, 陈月辉, 彭玉华 2010 物理学报 **59** 123]
- [3] Ma Q L, Bian C H, Wang J 2010 *Acta Phys. Sin.* **59** 4480 (in Chinese) [马千里, 卞春华, 王俊 2010 物理学报 **59** 4480]
- [4] Bian H R, Wang J, Han C X, Deng B, Wei X L, Che Y Q 2011 *Acta Phys. Sin.* **60** 118701 (in Chinese) [边洪瑞, 王江, 韩春晓, 邓斌, 魏熙乐, 车艳秋 2011 物理学报 **60** 118701]
- [5] Wang J, Ma Q L 2008 *Chin. Phys. B* **17** 4424
- [6] Hsu W Y 2012 *Int. J. Neural Syst.* **22** 51
- [7] Nevado-Holgado A J, Marten F, Richardson M P, Terry J R 2012 *Neuro Image* **59** 2374
- [8] Petrantonakis P C, Hadjileontiadis L J 2012 *IEEE Trans. Signal Process.* **60** 2604
- [9] Thatcher R W 2012 *Dev. Neuropsychol.* **37** 476
- [10] Wang J, Yu Z F 2012 *Chin. Phys. B* **21** 018702
- [11] Wang J, Zhao D Q 2012 *Chin. Phys. B* **21** 028703
- [12] Musselman M, Djurdjanovic D 2012 *Exp. Syst. Appl.* **39** 11413
- [13] Shao S Y, Shen K Q, Yu K, Wilder-Smith E P V, Li X P 2012 *Clin. Neurophysiol.* **123** 2042
- [14] Tarokh L, van Reen E, Acebo C, Le Bourgeois M, Seifer R, Fallone G, Carskadon M A 2012 *Alcohol.-Clin. Exp. Res.* **36** 1530
- [15] Wang R F, Zhang J H, Zhang Y, Wang X Y 2012 *Biomed. Signal Proc. Control* **7** 490
- [16] Orhan U, Hekim M, Ozer M 2012 *J. Med. Syst.* **36** 2219
- [17] Acharya U R, Sree S V, Alvin A P C, Suri J S 2012 *Exp. Syst. Appl.* **39** 9072
- [18] Siuly S, Li Y 2012 *IEEE Trans. Neur. Syst. Reh. Eng.* **20** 526
- [19] Acharya U R, Molinari F, Sree S V, Chattopadhyay S, Ng K H, Suri J S 2012 *Biomed. Signal Proc. Control.* **7** 401
- [20] Frenzel S, Pompe B 2007 *Phys. Rev. Lett.* **99** 204101
- [21] Staniek M, Lehnertz K 2008 *Phys. Rev. Lett.* **100** 158101
- [22] Li J, Ning X B 2006 *Phys. Rev. E* **73** 052902
- [23] Wessel N, Ziehmann C, Kurths J, Meyerfeldt U, Schirdewan A, Voss A 2000 *Phys. Rev. E* **61** 733
- [24] Shen W, Wang J 2011 *Acta Phys. Sin.* **60** 118702 (in Chinese) [沈韡, 王俊 2011 物理学报 **60** 118702]

Coupling analysis of multivariate bioelectricity signal based symbolic partial mutual information*

Zhang Mei¹⁾ Cui Chao²⁾ Ma Qian-Li¹⁾ Gan Zong-Liang^{1)†} Wang Jun^{1)‡}

1) (Image Processing and Image Communications Key Laboratory, Nanjing University of Posts and Telecommunication, Nanjing 210003, China)

2) (Mechanical Engineering College, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China)

(Received 12 October 2012; revised manuscript received 3 November 2012)

Abstract

Symbolic partial mutual information is proposed in this paper, which is based on partial mutual information. This algorithm can be used to analyse the coupling between multivariate time series. We use this method to treat and analyse the sleeping multivariate bioelectricity signal (MBS) and wake one, it turns out that the coupling of wake MBS is obviously bigger than that of sleeping MBS. Finally hypothesis testing is done to prove that this method works and the average energy dissipation can be used as a parameter to detect nonequilibrium.

Keywords: symbolic, partial mutual information, multivariate bioelectricity signal, coupling

PACS: 87.85.-d, 05.45.-a

DOI: 10.7498/aps.62.068704

* Project supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant Nos. 61271082, 61201029, 61102094), and the Natural Science Foundation of Jiangsu Province, China (Grant Nos. BK2011759, BK2011565).

† Corresponding author. E-mail: ganzongliang@gmail.com

‡ Corresponding author. E-mail: wangj@njupt.edu.cn