

基于精英保留策略遗传算法的生物电阻抗特征参数提取

徐逸帆, 曹乐, 黄经纬, 阚秀

上海工程技术大学电子电气工程学院, 上海 201620

【摘要】由于Cole-Cole模型可以对生物组织和生化物质特性进行有效表征,使得如何从实测生物阻抗频谱(BIS)数据中准确提取模型参数具有重要研究意义。针对传统遗传算法具有收敛速度慢、易陷入局部最优解的问题,分析种群个体特别是精英个体的特征,使用最小一乘法重新定义适应度函数,并制定精英保留策略。对标准BIS数据集和实际测量情况进行分析,通过添加奇异点和随机噪声,建立符合实际情况的3类仿真数据集。基于仿真数据集进行3组实验,将精英保留策略遗传算法与其他3种算法的拟合结果进行比较,结果表明本算法具有拟合精度高、鲁棒性强的优点,为全面准确分析生物组织生理病理状态提供了有效工具。

【关键词】生物阻抗频谱; Cole-Cole模型; 最小一乘法; 精英保留策略; 遗传算法

【中图分类号】R318; TP391

【文献标志码】A

【文章编号】1005-202X(2021)02-0214-08

Extraction of bio-impedance characteristic parameters through genetic algorithm based on elitist preservation strategy

XU Yifan, CAO Le, HUANG Jingwei, KAN Xiu

School of Electronic and Electrical Engineering, Shanghai University of Engineering Science, Shanghai 201620, China

Abstract: Since the Cole-Cole model can effectively characterize the biological tissues and biochemical substances, it is of great significance to accurately extract the model parameters from the measured biological impedance spectrum (BIS) data. In order to solve the problem that traditional genetic algorithm has slow convergence speed and is easy to fall into local optimal solution, the population individuals' characteristics, especially elite individuals', are analyzed, the fitness function is redefined by the least absolute deviation (LAD), and the elite preservation strategy is formulated. The standard BIS data set and the actual measurement situation are analyzed, and by adding singular points and random noise, three types of simulation data sets that meet the actual situation are established. Three sets of experiments were performed based on the simulation data set, and the fitting results of the proposed genetic algorithm (EGA-LAD) considering the elite retention strategy are compared with the other three algorithms. The results show that EGA-LAD has high fitting accuracy and robustness, which provides an effective tool for comprehensive and accurate analysis of the physiological and pathological state of biological tissues.

Keywords: bio-impedance spectrum; Cole-Cole model; least absolute deviation; elitist preservation strategy; genetic algorithm

前言

生物阻抗频谱(BIS)是一种基于电路的生物组织阻抗测量和监测技术,通过分析BIS信号可以知道生物组织的生理和病理状态^[1]。近年来,BIS技术在早期疾病诊断、生物组织液监测、生理状态评估等

方面应用广泛^[2-4]。2003年,Cox-Reijven^[5]利用BIS技术对胃肠道疾病患者实际无脂肪质量进行评价,解决了传统方法评价困难的问题。2009年,Jaffee等^[6]通过分析50 kHz下手腕的BIS特性,对细胞外液进行水分测定,为人体成分分析奠定基础。2013年,Hornero等^[7]设计了一种用于评价肌肉及心血管活动的生物阻抗监控系统,通过对单个细胞进行BIS分析,研究其他细胞的生理参数。2016年,何想等^[8]基于所采集不同人手掌的BIS数据,通过提取特征参数对手掌所属身份进行识别。

Cole-Cole生物电阻抗特征方程的建立,为生物阻抗参数提取和分析提供了有效理论工具,越来越多的学者关注Cole参数提取方法。2013年,Yang^[9]

【收稿日期】2020-09-24

【基金项目】国家自然科学基金(61703270)

【作者简介】徐逸帆,硕士,研究方向:生理信号处理和医疗器械设计,
E-mail: 987681025@qq.com

【通信作者】曹乐,博士,讲师,研究方向:智能物联网应用、医疗设备研发等, E-mail: caole00012@163.com

对经典最小二乘法(LS)和最小一乘法(LAD)的Cole参数提取效果进行实验对比,结果证明LAD在处理受噪声扰动数据时具备更好的鲁棒性。2015年,Nejadghol等^[10]采用奇异值分解法对BIS数据进行处理,降低了Cole参数的提取误差和标准差,并通过手臂实验进行了证明。2016年,陈恒等^[11]利用模拟退火(SA)算法和阻尼(LS)算法进行联合反演求解Cole参数,解决了经典LS算法对于初始值依赖的问题。2018年,郭玥^[12]将LAD算法和SA算法结合提取Cole参数,规避了LAD迭代求导的问题,并对初值选择误差和易陷局部最优问题进行了分析。虽然现有方法在一定程度上解决了Cole参数的提取问题,但是普遍存在对奇异点和随机噪声敏感度高、鲁棒性差和拟合时间长等缺点。本文采用精英保留策略和LAD算法对传统的遗传算法(GA)进行改进,给出一种鲁棒性强、收敛速度快的Cole参数提取新方法,并将仿真结果与现有方法进行对比,验证所得结果的实用性与有效性。

1 生物电阻抗特征参数提取

1.1 Cole-Cole模型

研究发现低频电流(低于1 MHz)只能流经细胞外液,而高频电流可以穿透细胞膜流经细胞内外液^[13]。根据生物细胞组织的这种阻抗特性,通常采用如图1所示的等效电路分析生物电性质及其变化规律, R_e 是细胞外液电阻, R_i 是细胞内液电阻, C 是细胞膜电容。

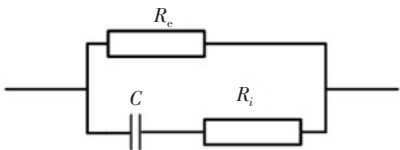


图1 生物体等效电路模型
Fig.1 Biological equivalent circuit model

1940~1941年,美国研究学者Cole等^[14]基于生物组织等效电路提出Cole-Cole理论,即生物电阻抗实际测量值的轨迹是复平面第4象限中的一段圆弧且圆心在第1象限内(图2)。

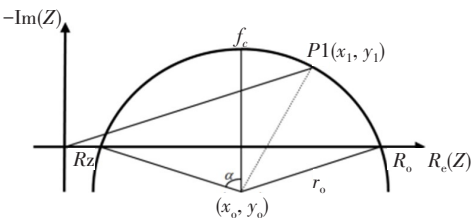


图2 生物组织 Cole 圆弧曲线
Fig.2 Biological tissue Cole arc curve

建立如下生物电阻抗特征方程:

$$Z(\omega) = R_{\infty} + \frac{R_0 - R_{\infty}}{1 + (j\omega\tau)^{\alpha}} \tag{1}$$

其中, $Z(\omega)$ 为生物复阻抗, ω 为角频率, R_{∞} 为频率无穷大时的电阻, R_0 为直流(频率为0)时的电阻, α 为散射系数($0<\alpha<1$), τ 为弛豫时间, τ 对应特征频率 f_c :

$$f_c = \frac{\omega}{2\pi} = \frac{1}{2\pi\tau} \tag{2}$$

1.2 生物电阻抗特征参数提取方法

为深入分析生物电阻抗性质及生物组织变化规律,需要基于测量数据求得生物电阻抗等效电路的模型参数。然而,由于受到测量仪器精度和内外界噪声等因素的影响,实际测量到的BIS数据大多分布在标准圆弧轨迹的两侧^[15],这种情况下需要对采集到的BIS数据进行拟合,求取Cole-Cole曲线对应的圆心 (x_0, y_0) 和半径 r_0 ,再由几何关系进一步确定生物电阻抗模型的特征参数,如下所示:

$$R_0 = x_0 + \sqrt{r_0^2 - y_0^2} \tag{3}$$

$$R_{\infty} = x_0 - \sqrt{r_0^2 - y_0^2} \tag{4}$$

$$\alpha = 1 - \frac{2}{\pi} \arcsin\left(\frac{|y_0|}{r_0}\right) \tag{5}$$

$$\tau = \frac{\left[\frac{R_0 - Z_i(\omega_i)}{Z_i(\omega_i) - R_{\infty}}\right]^{\frac{1}{\alpha}}}{j\omega_i} \tag{6}$$

从式(6)可以看出,测量误差直接导致弛豫时间 τ 不确定。实际中通常采用如下式表示的多数据点对应求均值的方式确定弛豫时间 τ :

$$\tau = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{\left[\frac{R_0 - Z_i(\omega_i)}{Z_i(\omega_i) - R_{\infty}}\right]^{\frac{1}{\alpha}}}{j\omega_i} \tag{7}$$

综合以上分析,Cole-Cole模型特征参数提取的关键是对实测BIS数据的有效拟合。现有的拟合结果大多通过LS、LAD和SA等方法得到,这些方法存在迭代过程中陷入局部最优、前期设置参数较多和 人机交互依赖性强等缺点。本文提出精英保留策略遗传算法(EGA)-LAD弥补现有拟合算法的不足,提取更为精准的Cole-Cole模型特征参数。

2 EGA

2.1 EGA概念

GA模拟了自然界中生物“优胜劣汰”的进化过程^[16],利用适应度函数对种群中个体进行评价,淘汰适应度

低的个体,经过随机选择、交叉和变异等遗传操作,实现生物种群的优化。但这一过程中,种群中适应度最高的个体可能会遭到破坏,这在一定程度上降低了GA全局搜索能力。本文采用精英保留策略对GA进行优化,将当前代适应度最高的个体作为精英个体保留,其余个体进行随机选择、交叉和变异等遗传操作,将精英个体插入到经过遗传操作后的个体集合形成新的种群。EGA-LAD提高了传统GA的全局收敛性和鲁棒性,该算法的步骤包括:种群初始化,设置适应度函数,选择、交叉和变异,精英保留策略。

2.1.1 种群初始化 初始化种群通常以某一分布概率密度函数随机生成,为提高算法的反应速度和工作效率,本文使用经典LS^[9]拟合值 (x_0, y_0, r_0) 作为基础值,根据多次实验数据统计计算出合适阈值 (h_x, h_y, h_r) ,确定初始化种群的取值范围,在取值范围内随机生成种群。LS提取Cole参数的基本原理是:使得各离散点与拟合圆上对应点的径向误差的平方和达到最小,对应Cole参数拟合的LS表达式为:

$$F(x_0, y_0, r_0) = \sum_{i=1}^M e_i^2 = \sum_{i=1}^M \left(\sqrt{(x_i - x_0)^2 + (y_i - y_0)^2} - r_0 \right)^2 \quad (8)$$

其中, M 为实际测量数据数目, x_i 为激励频率 f_i 下所测生物电阻抗的实部, y_i 为激励频率 f_i 下所测生物电阻抗的虚部, (x_0, y_0) 为拟合圆的圆心, r_0 表示拟合圆的半径, e_i 表示径向误差即实际测量数据点在径向方向与拟合圆心之间距离。根据迭代法计算出的LS拟合Cole-Cole圆的圆心坐标和半径 (x_0, y_0, r_0) ,经过多次实验统计出合适的阈值 (h_x, h_y, h_r) ,确定初始化种群取值范围 $x_0^{(0)} \in [x_0 - h_x, x_0 + h_x]$, $y_0^{(0)} \in [y_0 - h_y, y_0 + h_y]$, $r_0^{(0)} \in [r_0 - h_r, r_0 + h_r]$,再利用均匀分布概率密度函数在所确定取值范围内随机生成初始化种群 $(x_0^{(0)}, y_0^{(0)}, r_0^{(0)})$,具体操作如下:

$$\begin{cases} x_0^{(0)} = x_0 - h_x + 2h_x \cdot \text{rand}(0, 1) \\ y_0^{(0)} = y_0 - h_y + 2h_y \cdot \text{rand}(0, 1) \\ r_0^{(0)} = r_0 - h_r + 2h_r \cdot \text{rand}(0, 1) \end{cases} \quad (9)$$

其中, $(x_0^{(0)}, y_0^{(0)}, r_0^{(0)})$ 为种群初始化值, $\text{rand}(0, 1)$ 表示生成一个在 $(0, 1)$ 内的随机数。

2.1.2 适应度函数 在GA中,通过适应度函数对种群中个体进行评估,选取适应度高的优秀个体遗传给下一代,适应度函数的选择直接影响算法的收敛性能和输出结果。下面引入引理1,以便理解下文中适应度函数的定义。

引理1^[17]:若存在 $\theta = \theta^* \in R^n$,使目标函数

$$Q = Q(\theta^*) = \min \left\{ \sum_{i=1}^m \left| \beta_i - g(a_i, \theta^*) \right| \right\} \quad (10)$$

成立,则拟合函数 $g(a_i, \theta^*)$ 的表征为:至少存在 n 个点 a_1, a_2, \dots, a_n ,使得

$$\beta_i - g(a_i, \theta^*) = 0 \quad (i = 1, 2, \dots, n) \quad (11)$$

成立,称这 n 个零偏点是“0”点,反之若上式构成的方程组不成立,则 Q 的极小化也不成立。

定义如下适应度函数 $f(x_0, y_0, r_0)$:

$$f(x_0, y_0, r_0) = \frac{1}{F(x_0, y_0, r_0)} \quad (12)$$

$$F(x_0, y_0, r_0) = \sum_{i=1}^M |e_i| = \sum_{i=1}^M \left| \sqrt{(x_i - x_0)^2 + (y_i - y_0)^2} - r_0 \right| \quad (13)$$

由引理1,参数 (x_0, y_0, r_0) 可由最小化 $F(x_0, y_0, r_0)$ 求得。

2.1.3 选择算子 本文采用锦标赛选择法对遗传基因进行选择。这种选择策略在一定程度上可以避免过早收敛和停滞现象的产生^[15]。锦标赛选择法的具体策略为:从种群中随机选择 k 个个体(每个个体被选择的概率相同),选择适应度最好的个体作为生成下一代的父体,重复操作直到新的种群规模达到原来的种群规模。

2.1.4 交叉算子 本文采用两点交叉对选出的两个个体进行交叉操作。两点交叉是指在两个配对个体基因串中随机设置两个交叉位,然后再进行交叉位之间基因块的交换。交叉发生概率记为 P_c ,一般 P_c 范围设置为0.7~0.9。对于染色体长度为 l 的两个配对个体 $x_1 = \lambda_{11}\lambda_{12}\dots\lambda_{1l}$ 和 $x_2 = \lambda_{21}\lambda_{22}\dots\lambda_{2l}$,设随机设置的两个交叉位为 c_1, c_2 ,且 $1 \leq c_1 < c_2 \leq l - 1$,满足下列公式:

$$\lambda_{1i}' = \begin{cases} \lambda_{2i}, & i \in (c_1, c_2] \\ \lambda_{1i}, & \text{else} \end{cases} \quad (14)$$

$$\lambda_{2i}' = \begin{cases} \lambda_{1i}, & i \in (c_1, c_2] \\ \lambda_{2i}, & \text{else} \end{cases} \quad (15)$$

则,生成的新个体为 $x_1' = \lambda_{11}'\lambda_{12}'\dots\lambda_{1l}'$ 和 $x_2' = \lambda_{21}'\lambda_{22}'\dots\lambda_{2l}'$ 。

2.1.5 变异算子 生物在遗传和进化过程中会出现变异,即父代种群中某些基因按一定概率进行改变生成新的个体^[18]。这里的一定概率指的是变异概率 P_m ,由于实际中变异的可能性非常小,一般将 P_m 范围设置为0.01~0.20。本文选用二进制编码符号串表示个体,利用基本位变异法对个体进行变异操作,即按照概率 P_m 指定变异位并将该位对应的二进制字符取反。对于个体 $x = \lambda_1\lambda_2\dots\lambda_l$,变异运算公式如下:

$$\lambda_j' = \begin{cases} 1 - \lambda_j, & \Delta x \leq P_m \\ \lambda_j, & \text{else} \end{cases} \quad j \in \{1, 2, \dots, l\} \quad (16)$$

其中, $\Delta x \in [0, 1]$ 为任意随机数。则, 变异后生成新的个体为 $x' = \lambda_1' \lambda_2' \cdots \lambda_l'$ 。

2.1.6 精英保留策略 将每代种群进化中搜索到的最优适应度值的个体 best 保存为精英个体, 再对剩下的 $N-1$ 个个体进行遗传操作, 以此避免目前种群中最好的基因受到丢失和破坏。采用 EGA 拟合 Cole-Cole 模型参数具有如下优点: (1) 保留传统 GA 的可并行性, 算法效率高, 节省阻抗参数提取时间。 (2) 精英保留策略的引入, 提高了传统 GA 的搜索速度, 全局收敛性更快。

2.2 EGA 步骤

EGA 的具体步骤如图 3 所示。

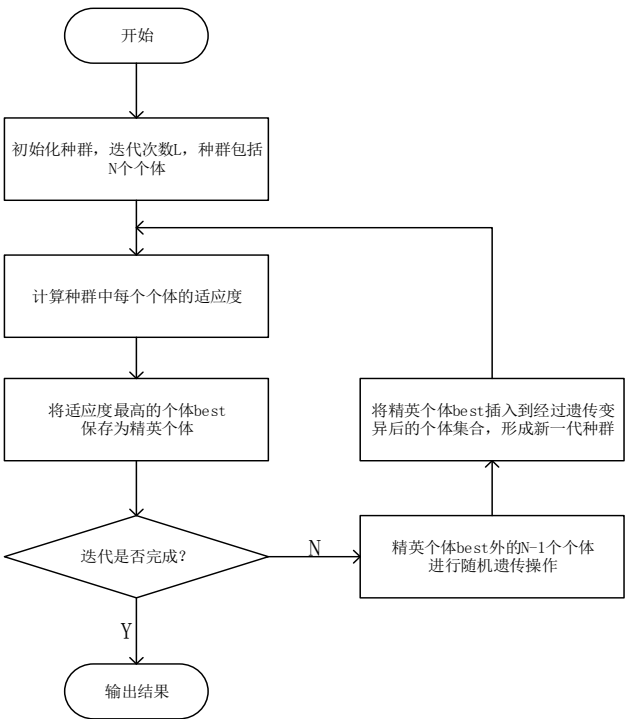


图3 精英保留算法流程图
Fig.3 Elitist preservation algorithm flow chart

- Step1, 设置最大迭代次数 L , 生成包含 N 个个体的初始种群 $P(t)$ 。
- Step2, 设置适应度函数, 计算每一个个体的适应度, 将适应度最高的个体 best 保存为精英个体。
- Step3, 判断迭代次数 t 是否达到 L 次, 若满足执行 Step7, 否则执行 Step4。
- Step4, 使用锦标赛法对剩下的 $N-1$ 个个体进行选择操作, 重新生成规模为 $N-1$ 的种群 $Q(t)$ 。
- Step5, 对 $Q(t)$ 进行交叉、变异操作, 得到规模为 $N-1$ 的种群 $Q(t)'$ 。
- Step6, 将精英个体 best 随机插入到 $Q(t)'$ 中, 形成得到新一代规模为 N 的种群 $P(t)'$, 令 $t=t+1$, 并执行 Step2。
- Step7, 输出计算结果。

3 仿真实验方法

3.1 仿真数据集

1995 年, Rigaud 和 Hamzaoui 等^[19]通过实验得到的一组肌肉阻抗特征参数 $R_0=150\ \Omega$, $R_\infty=50\ \Omega$, $\alpha=0.8$, $\tau=3.0\times 10^{-6}$, 从频率 1 kHz~1 MHz 中选取等相角间隔的 32 个频率点 $(f_1, f_2, \cdots, f_{32})$, 32 个频率对应的即为标准 BIS 数据点, 且标准 BIS 数据点呈均匀的对数分布, 标准数据点如表 1 所示。由公式 (2) 得到特征频率 $f_c=53.051\ 6\ \text{kHz}$, 选取的 BIS 数据点均匀分布在圆心为 $(100, -16.246\ 0)$ 、半径为 $r_0=52.573\ 1$ 的 Cole 圆上。

表1 32个频率点对应的BIS数据点
Tab.1 BIS data points corresponding to 32 frequency points

标准 BIS 数据			
(53.87, -8.97)	(54.75, -10.52)	(55.85, -12.30)	(57.22, -14.32)
(58.93, -16.57)	(61.05, -19.06)	(63.65, -21.74)	(66.84, -24.55)
(70.66, -27.38)	(75.18, -30.1)	(80.39, -32.53)	(86.22, -34.49)
(92.55, -35.8)	(99.15, -36.32)	(105.78, -36.01)	(112.2, -34.89)
(118.17, -33.09)	(123.55, -30.76)	(128.25, -28.09)	(132.25, -25.27)
(135.59, -22.45)	(138.34, -19.73)	(140.57, -17.19)	(142.38, -14.87)
(143.83, -12.79)	(144.99, -10.96)	(145.92, -9.35)	(146.67, -7.95)
(147.28, -6.75)	(147.76, -5.72)	(148.16, -4.84)	(148.48, -4.09)

在标准 BIS 数据集的基础上, 通过在标准数据集中添加奇异值和不同的噪声生成 3 组仿真数据集。

(1) 存在奇异点的仿真数据集 D1。

在 BIS 标准数据集频率 f_6 和 f_{22} 对应的数据点处按以下公式增加 30% 的径向误差, 其余 30 个频率点的数据保持不变:

$$\begin{cases} x_i = x_{si} + 0.3 \times r_0 \times \cos(\theta_i) \\ y_i = y_{si} - 0.3 \times r_0 \times \sin(\theta_i) \end{cases} \quad (i = 6, 22) \quad (17)$$

其中, $P_{si}(x_{si}, y_{si})$ 表示当频率为 f_i 时的标准数据, $P_i(x_i, y_i)$ 表示当频率为 f_i 时的添加噪声和奇异点的仿真数据, θ_i 表示频率 f_i 下横轴与径向间夹角, 计算公式如下:

$$\theta_i = \arccos\left(\frac{x_i - x_0}{r_0}\right) \quad (18)$$

(2) 存在随机噪声的仿真数据集 D2。

将标准 BIS 数据中奇数频率点处数据按下式随机添加 0 至 $\pm 10\%$ 满足正态分布的径向误差, 其余 16 个偶数频率点处数据保持不变:

$$\begin{cases} x_i = x_{si} + 0.1 \times \text{rand} \times r_0 \times \cos(\theta_i) \\ y_i = y_{si} + 0.1 \times \text{rand} \times r_0 \times \sin(\theta_i) \end{cases} (i = 1, 3, \dots, 31) \quad (19)$$

(3) 奇异点和随机噪声同时存在的仿真数据集D3。

将标准数据的两个频率点 f_6 和 f_{22} 增加30%的径向误差,同时所有的奇数频率点处数据随机添加0至±10%满足正态分布的径向误差,构成仿真数据集D3。

3.2 仿真实验结果与分析

为验证本文方法 EGA-LAD 对 Cole 参数提取的有效性和精确性,实验中选用经典 LS、SA-LS、SA-LAD 和 EGA-LS 4 种算法分别对 D1、D2 和 D3 中的 BIS 数据进行拟合,并与 EGA-LAD 的对应拟合结果进行比较。在实验结果中,实线代表拟合圆,虚线代表标准圆, e_{R_0} 、 e_{R_∞} 、 e_α 和 e_{f_c} 分别表示 Cole 参数 R_0 、 R_∞ 、 α 和 f_c 的拟合误差。

3.2.1 基于数据集 D1 的仿真实验结果 对于仿真数据集 D1,将两个偶数频率点处标准 BIS 数据增加

30%的径向误差。LS、SA-LS、SA-LAD 和 EGA-LAD 的拟合实验结果如图 4 所示,表 2 给出 BIS 标准数据集和 4 种算法提取的 Cole 参数和拟合误差的对比值。从实验结果可以看出,LS 算法的拟合效果最差,使用 SA-LS 算法的拟合效果明显改善,但由于 LS 算法对数据中奇异点敏感度高,使得 SA-LS 算法拟合精度低于 SA-LAD 算法。本文 EGA-LAD 算法对 Cole 圆拟合效果最好,Cole 参数提取精度最高,4 个特征参数 R_0 、 R_∞ 、 α 和 f_c 拟合误差分别为 0.024 5%、0.118 6%、0.106 3%、0.036 9%。

3.2.2 基于数据集 D2 的仿真实验结果 对于仿真数据集 D2,将标准 BIS 奇数频率点处随机添加 0 至±10%满足正态分布的径向误差。由于添加径向误差的随机性导致每一次的拟合结果会有波动,为了更好地评价 4 种算法对随机噪声的鲁棒性,本文进行 50 次的拟合实验,最终在表 3 中分别列出 50 次实验结果的平均值进行对比,LS、SA-LS、SA-LAD 和 EGA-LAD 的拟合实验结果如图 5 所示。从实验结果可以看出,LS 算法的拟合效果最差,本文 EGA-LAD 算法

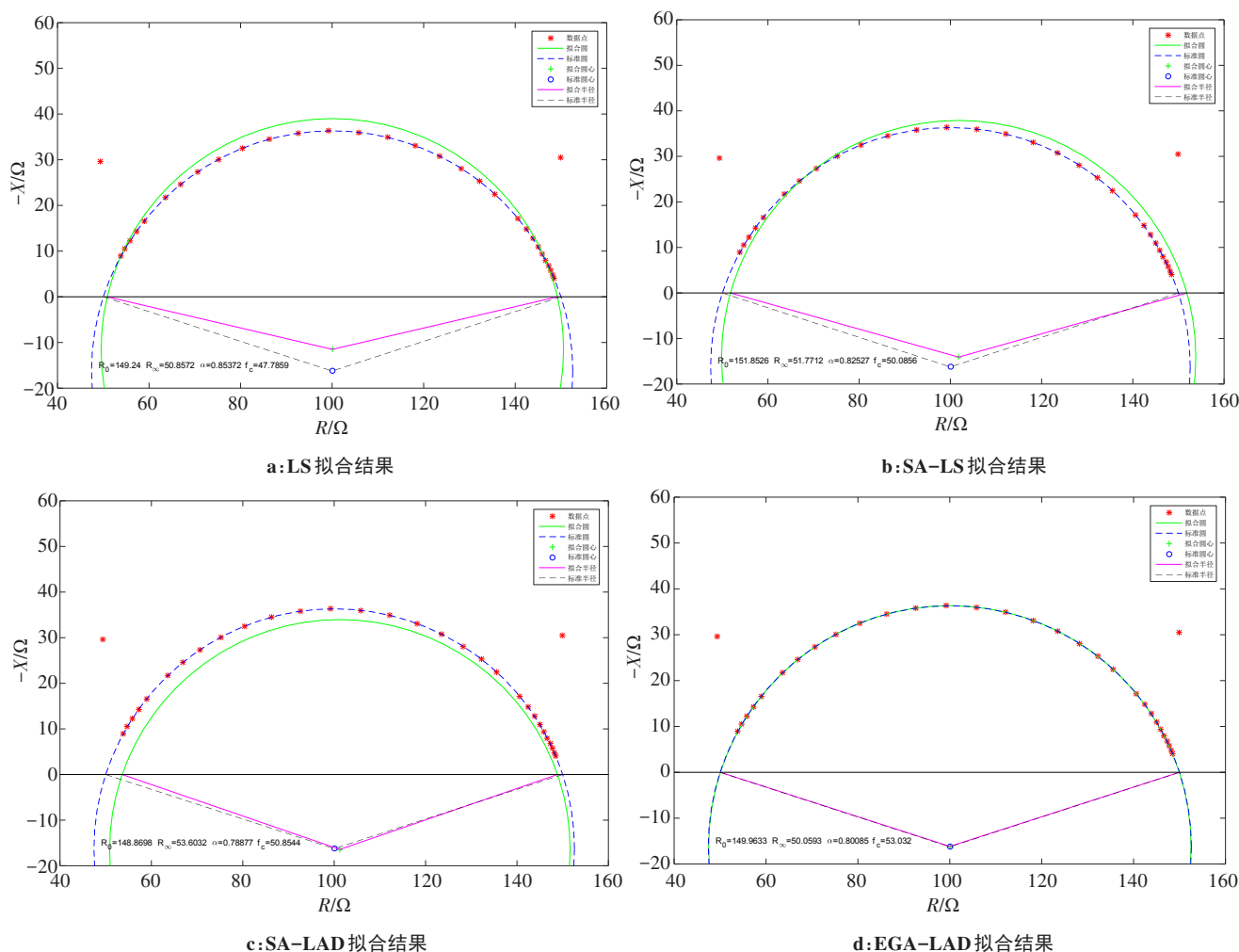


图4 数据集D1实验结果
Fig.4 Data set D1 experiment results

表 2 D1数据集下实验结果对比

Tab.2 Comparison of experimental results on D1 data set

算法	R_0		R_∞		α		f_c	
	150.000 0	$e_{R_0}/\%$	50.000 0	$e_{R_\infty}/\%$	0.800 0	$e_\alpha/\%$	53.051 6	$e_{f_c}/\%$
LS	149.240 0	0.506 7	50.857 2	1.714 4	0.853 7	6.712 5	47.785 9	9.925 6
SA-LS	151.852 6	1.230 7	51.771 2	3.542 4	0.825 3	3.162 5	50.085 6	5.590 8
SA-LAD	148.869 8	0.754 5	53.603 2	7.206 4	0.788 8	1.400 0	50.854 4	4.141 6
EGA-LAD	149.963 3	0.024 5	50.059 3	0.118 6	0.8008 5	0.106 3	53.032 0	0.036 9

比两种改进的 SA-LS 和 SA-LAD 算法拟合效果好, Cole 参数提取精度最高, 4 个特征参数 R_0 、 R_∞ 、 α 和 f_c 拟合误差分别为 0.000 7%、0.001 8%、0、0, 其中拟合的 α 和 f_c 参数与标准值一致, 拟合曲线与标准曲线基本重合, 实验结果说明 EGA-LAD 对随机噪声的鲁棒性最好。

表 3 D2数据集下实验结果对比

Tab.3 Comparison of experimental results on D2 data set

算法	R_0		R_∞		α		f_c	
	150.000 0	$e_{R_0}/\%$	50.000 0	$e_{R_\infty}/\%$	0.800 0	$e_\alpha/\%$	53.051 6	$e_{f_c}/\%$
LS	149.730 2	0.179 9	50.945 4	1.890 8	0.855 8	6.975 0	56.059 9	5.670 5
SA-LS	151.798 2	1.198 8	51.148 7	2.297 4	0.837 4	4.675 0	50.670 8	4.487 7
SA-LAD	149.379 5	0.413 7	53.076 9	6.153 8	0.803 6	0.450 0	50.917 2	4.023 3
EGA-LAD	150.001 0	0.000 7	49.999 1	0.001 8	0.800 0	0	53.051 6	0

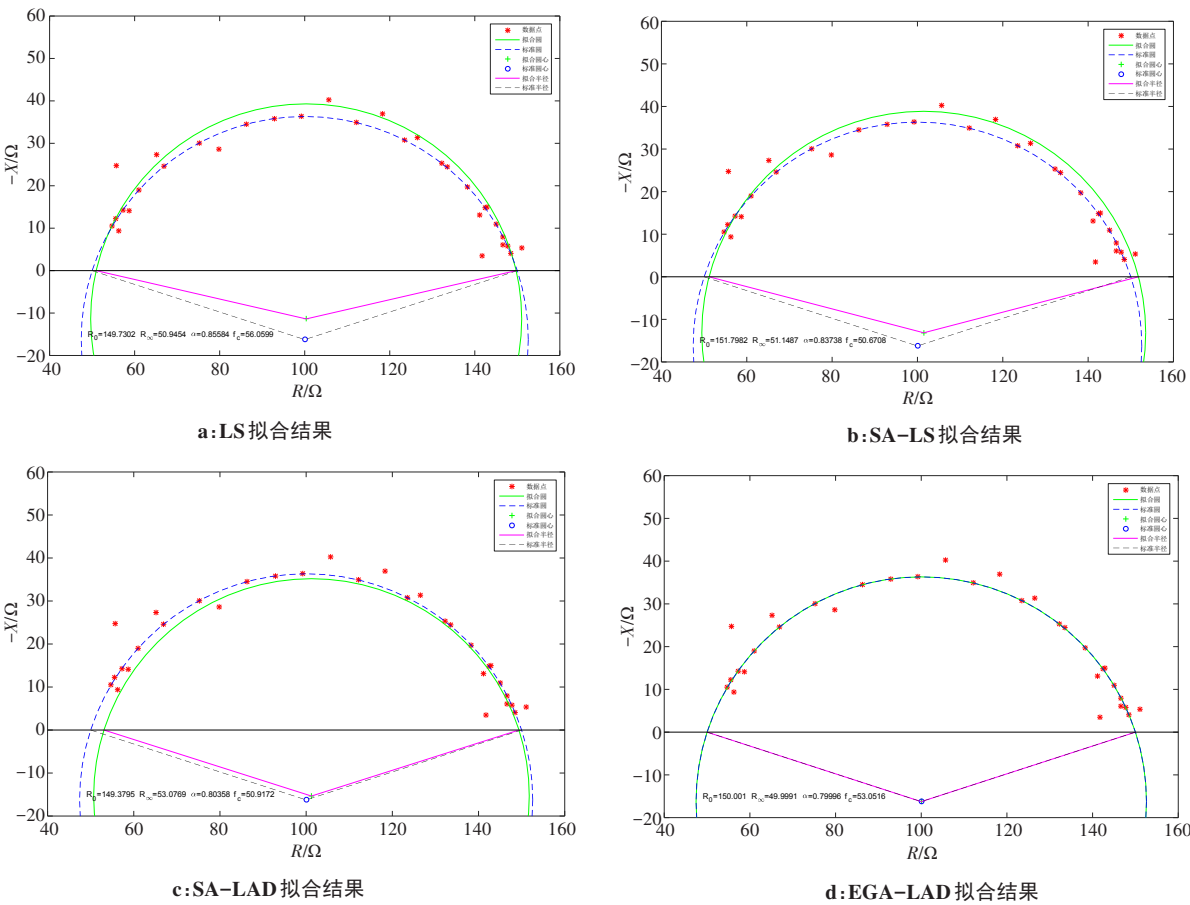


图 5 数据集 D2 实验结果

Fig.5 Data set D2 experiment results

3.2.3 基于数据集D3的仿真实验结果 对于仿真数据集D3,将两个偶数频率点处标准BIS数据增加30%的径向误差,并将奇数频率点处随机添加0至±10%满足正态分布的径向误差。同样进行50次的拟合实验,最终在表4中分别列出50次实验结果的平均值进行对比,LS、SA-LS、SA-LAD和EGA-LAD的拟合实验结果如图

6所示。从实验结果可以看出,相比于与仿真数据集D2的拟合结果,4种算法的拟合精度均有下降,说明奇异点对拟合结果的影响很大,本文EGA-LAD算法对Cole圆拟合效果依然最好,4个特征参数 R_0 、 R_∞ 、 α 和 f_c 拟合误差分别为0.001 6%、0.002 2%、0、0.002 1%,但在数据点出现大量偏差时EGA-LAD算法的鲁棒性会降低。

表 4 D3数据集下实验结果对比
Tab.4 Comparison of experimental results on D3 data set

算法	R_0		R_∞		α		f_c	
	150.000 0	$e_{R_0}/\%$	50.0000	$e_{R_\infty}/\%$	0.800 0	$e_\alpha/\%$	53.0516	$e_{f_c}/\%$
LS	148.526 4	0.982 4	51.061 0	2.122 0	0.842 6	5.325 0	57.254 9	7.923 0
SA-LS	150.431 2	0.287 5	53.329 5	6.659 0	0.837 7	4.712 5	49.955 1	5.8367
SA-LAD	150.095 7	0.063 8	49.930 8	0.138 4	0.847 5	5.937 5	53.029 9	0.040 9
EGA-LAD	150.002 4	0.001 6	49.998 9	0.002 2	0.800 0	0	53.050 5	0.002 1

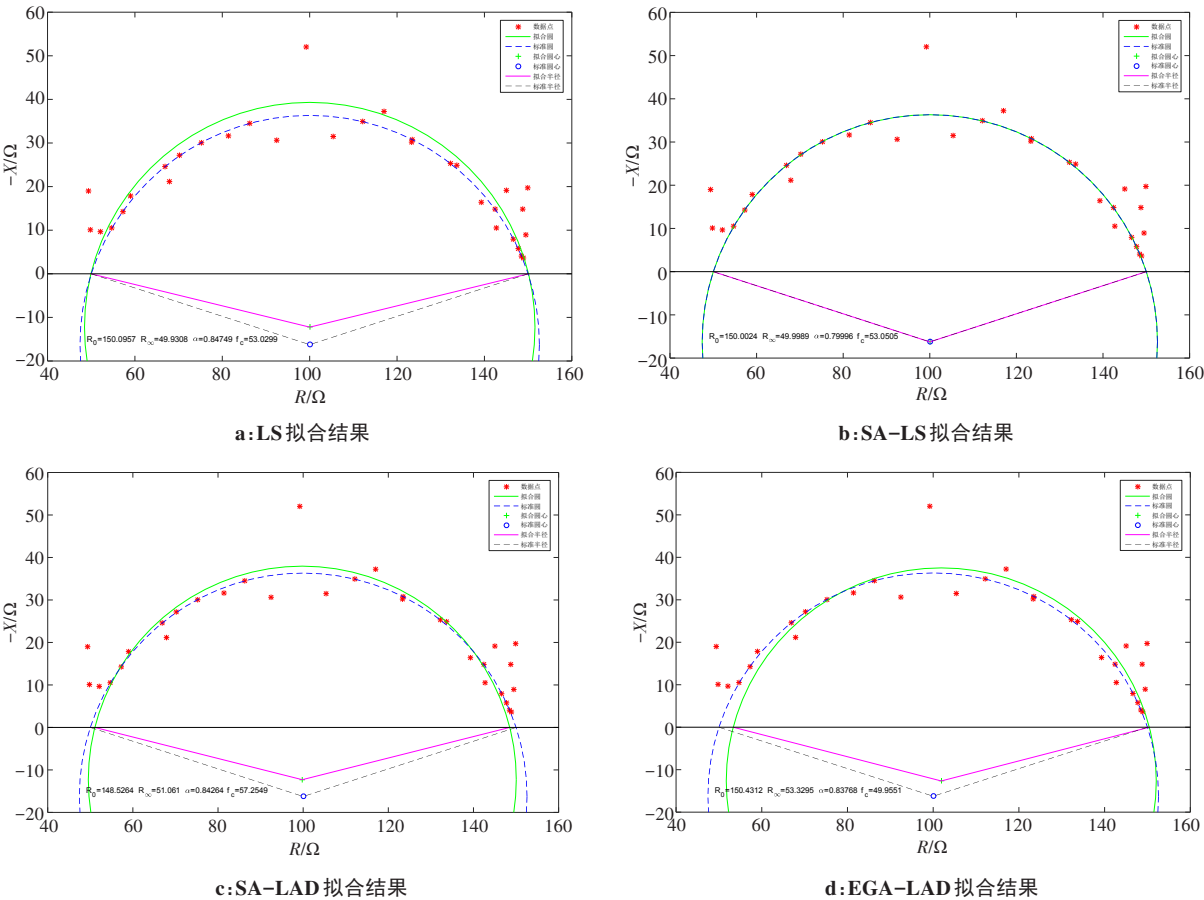


图 6 数据集D3实验结果
Fig.6 Data set D3 experiment results

3.3 仿真结果分析

表 5 给出 4 种算法对于 3 组数据集的平均拟合时间。综合对应仿真实验结论,可知作为经典拟合方法的LS算法用时最短速度最快,但由于其对奇异点的敏感度较高,在奇异点存在的条件下拟合精度会

受到严重影响,而在 BIS 应用中,对提取参数的精度要求优先于时间复杂度要求。改进的SA改善了鲁棒性差的问题,但由于其在每一温度下均需充分搜索最优解,使得拟合时间变长,并在一定程度上影响拟合精度。本文 EGA-LAD 算法具有隐式并行性,在

保证拟合精度的情况下,缩短了拟合时间,提高了计算效率。

表5 不同算法拟合平均仿真时间
Tab.5 Average simulation time of different fitting algorithms

算法类型	仿真时间/s
LS	0.138
SA-LS	21.561
SA-LAD	19.465
EGA-LAD	11.363

4 结 论

本文综合考虑精英保留策略和LAD,改进传统的GA算法,在生物电阻抗Cole-Cole特征模型基础上给出Cole参数提取的新方法。通过添加奇异点和随机噪声,在标准BIS数据集的基础上生成3组仿真实验数据集,利用LS、SA-LS、SA-LAD和EGA-LAD 4种算法分别对3组仿真数据集进行仿真拟合,比较了4种算法的拟合精度和时间复杂度。实验结果表明,本文EGA-LAD算法具有拟合效果好、对奇异点和随机噪声的鲁棒性强、Cole参数提取精度高的优点,验证了EGA-LAD算法对生物电阻抗Cole参数提取的有效性和实用性。

【参考文献】

[1] SHIVA G B, MIODRAG B. Extraction of Cole parameters from the electrical bioimpedancespectrum using stochastic optimization algorithms[J]. Med Biol Eng Comput, 2016, 54(4): 643-651.

[2] GRASSO G, ALAFACI C, PASSALACQUA M, et al. Assessment of human brain water content by cerebral bioelectrical impedance analysis: a new technique and its application to cerebral pathological conditions[J]. Neurosurgery, 2002, 50(5): 1064-1074.

[3] 董秀珍. 生物电阻抗技术研究进展[J]. 中国医学物理学杂志, 2004, 21(6): 311-317.

DONG X Z. Research progress of bioelectrical impedance technology [J]. Chinese Journal of Medical Physics, 2004, 21(6): 311-317.

[4] BAGHBANI R, MORADI M H, SHADMEHR M B. Identification of pulmonary nodules by sweeping the surface of the lung with an electrical bioimpedance probe: a feasibility study[J]. J Invest Surg, 2019, 32(7): 614-623.

[5] COX-REIJVEN P L M, VAN KREEL B, SOETERS P B. Bioelectrical impedance measurements in patients with gastrointestinal disease:

validation of the spectrum approach and a comparison of different methods for screening for nutritional depletion[J]. Am J Clin Nutr, 2003, 78(6): 1111-1119.

[6] JAFFRIN M Y, MOREL H. Extracellular volume measurements using bioimpedance spectroscopy-hanai method and wrist-ankle resistance at 50 kHz[J]. Med Biol Eng Comput, 2009, 47(1): 77-84.

[7] HORNERO G, DIAZ D, CASAS O. Bioimpedance system for monitoring muscle and cardiovascular activity in the stump of lower-limb amputees[J]. Physiol Meas, 2013, 34: 189-201.

[8] 何想, 覃元元, 苏明亮, 等. 生物阻抗身份识别研究[J]. 生物医学工程学报, 2016, 33(4): 609-615.

HE X, QIN Y Y, SU M L, et al . Research on bioimpedance identification[J]. Journal of Biomedical Engineering, 2016, 33(4): 609-615.

[9] YANG Y X, NI W W, SUN Q, et al. Improved Cole parameter extraction based on the least absolute deviation method[J]. Physiol Meas, 2013, 34(10): 1239.

[10] NEJADGHOL I, CAYTAK H, BOLIC M, et al. Preprocessing and parameterizing bioimpedance spectroscopy measurements by singular value decomposition[J]. Physiol Meas, 2015, 36(5): 983-999.

[11] 陈恒, 严良俊, 代小威, 等. 模拟退火法与阻尼最小二乘法联合反演岩石激电谱参数[J]. 工程地球物理学报, 2016, 13(2): 170-174.

CHEN H, YAN L J, DAI X W, et al. Joint inversion of rock excitation spectrum parameters by simulated annealing method and damped least squares method[J]. Journal of Engineering Geophysics, 2016, 13(2): 170-174.

[12] 郭瑛. 基于MATLAB的生物电阻抗谱数据处理方法研究[D]. 西安: 西安理工大学, 2018.

GUO Y. Research on the bioelectrical impedance spectrum data processing method based on MATLAB[D]. Xi'an: Xi'an University of Technology, 2018.

[13] GEDDES L A, BAKER L E. Principles of applied biomedical instrumentation[J]. John Wiley&Sons, 1968, 5(2): 150-205.

[14] COLE K S, COLE R H. Dispersion and absorption in dielectrics[J]. Chen-phys, 1941, 9(4): 341-351.

[15] ELWAKIL A S, MAUNDY B. Extracting the Cole-Cole impedance model parameters without direct impedance measurement [J]. Electron Lett, 2010, 46(2): 1367-1368.

[16] 李敏强, 寇纪淞, 林丹, 等. 遗传算法的基本理论与应用[M]. 北京: 科学出版社, 2002.

LI M Q, KOU J S, LIN D, et al. Basic theory and application of genetic algorithm[M]. Beijing: Science Press, 2002.

[17] 顾乐民. 曲线拟合的最小二乘[J]. 同济大学学报(自然科学版), 2011, 39(9): 1377-1382.

GU L M. The least multiplication of curve fitting[J]. Journal of Tongji University (Natural Science), 2011, 39(9): 1377-1382.

[18] KAYA M. Developing a new mutation operator to solve the RC deep beam problems by aid of genetic algorithm [J]. Computers and Concrete, 2018, 22(5): 493-500.

[19] RIGAUD B, HAMZAOU L, FRIKHA M R, et al. In vitro tissue characterization and modelling using electrical impedance measurements in the 100 Hz-10 MHz frequency range[J]. Physiol Meas, 1995, 16(3 Suppl A): A15-A28.

(编辑:黄开颜)